



HAL
open science

Dynamique évolutive des éléments transposables dans le génomome de l'aleurode *Bemisia tabaci*

Marwa Zidi

► **To cite this version:**

Marwa Zidi. Dynamique évolutive des éléments transposables dans le génomome de l'aleurode *Bemisia tabaci*. Sciences agricoles. Le Mans Université; Université de Tunis El Manar, 2022. Français. NNT : 2022LEMA1035 . tel-04067084

HAL Id: tel-04067084

<https://theses.hal.science/tel-04067084>

Submitted on 13 Apr 2023

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

DOCTORAT SCIENCES
BRETAGNE DE LA MER
LOIRE ET DU LITTORAL



 Le Mans
Université



THESE DE DOCTORAT DE

LE MANS UNIVERSITE

ECOLE DOCTORALE N° 598

Sciences de la Mer et du littoral
Spécialité : « Biologie des organismes »

L'UNIVERSITE TUNIS EL MANAR

ECOLE DOCTORALE STVST

Sciences et technologies du vivant, sciences de la terre
Spécialité : « Sciences biologiques »

Par

« **Marwa ZIDI** »

« **Dynamique évolutive des éléments transposables dans le génome de l'aleurode *Bemisia tabaci*** »

Thèse présentée et soutenue à la faculté des sciences de Tunis le 15 décembre 2022

Unité de recherche : Laboratoire de Biologie des Organismes, Stress, Santé et Environnement BIOSSE
Laboratoire de Biochimie et biotechnologie

Thèse N° : 2022LEMA1035

Rapporteurs avant soutenance :

Angès PETIT
Sonia bouhachem

MCF HDR, Université de Tours, France
Pr. INRAT, université de Carthage, Tunisie

Composition du Jury :

Président :
Examineurs :
Dir. de thèse :
Co-dir. de thèse :

Mohamed MANAI
François SABOT
Nathalie casse
Maha mezghani khemakhem

Pr. Faculté des Sciences de Tunis, Tunisie
Pr. Université de Montpellier, France
MCF HDR. Université le Mans, France
Pr. Faculté des Sciences de Tunis, Tunisie

« *La patience est amère, mais son fruit est doux* »
Jean Jacques Rousseau

Dédicaces

Je dédie ce travail

À mes chers parents

À ma maman **Dalila Nedhif** et mon papa **Mabrouk ZIDI**

Aucune dédicace n'exprimerait mon respect et ma reconnaissance envers le soutien, les sacrifices et tous les efforts qu'ils ont fait pour mon instruction et mon bien-être ainsi que l'amour éternel qu'ils m'ont fourni. Je vous remercie et j'espère que votre bénédiction m'accompagne toujours.

À mes chers et adorables frères

Au témoignage de mon admiration et de ma grande affection ainsi que mon amour éternel et ma considération, je vous souhaite une vie pleine de bonheur et de succès.

À mon très cher Mari

Toute ma reconnaissance envers le soutien, la confiance et les encouragements qui ont été ma source d'énergie et d'apaisement.

À tous mes amis et mes proches

Remerciements

Je remercie tous ceux qui m'ont assistée. J'adresse également mes très sincères remerciements aux membres du Jury qui me font l'honneur d'examiner mon travail.

Ce travail de recherche est le fruit d'une convention en cotutelle entre l'**Université de Tunis el Manar** et l'**Université le Mans**. Il a été réalisé au sein du **Laboratoire de biochimie et biotechnologie à la Faculté des Sciences de Tunis** du côté Tunisien et au **laboratoire de Biologie des Organismes, Stress, Santé et Environnement BIOSSE** du côté Français. Cette convention était dans le cadre d'un **projet PHC-Utique** entre les deux universités, portant sur « La prévention et la gestion de la résistance aux insecticides ». Ainsi, ce travail n'aurait pu être accompli sans la tutelle du ministère de l'Enseignement supérieur et de la Recherche Scientifique en Tunisie et du Ministère de l'Enseignement Supérieur, de la Recherche et de l'Innovation en France, la Comité Mixte pour la Coopération Universitaire et Campus France. Je voudrais adresser mes remerciements à ceux qui ont accepté aimablement de juger ce travail de thèse et d'avoir consacré du temps pour assurer la soutenance de ma thèse.

Ainsi, je tiens à exprimer mes sincères remerciements à mes chères directrices de thèse Madame **Maha MEZGHANI KHEMAKHEM**, Professeure à la FST de Tunis, qui m'a accueilli depuis mon mastère dans son équipe génomique évolutive et adaptative ; et Mme **Nathalie CASSE**, Maître de conférences HDR à l'Université le Mans de m'avoir intégré au sein de laboratoire de Biologie des Organismes, Stress, Santé et Environnement BIOSSE. Je voudrais leur exprimer toute ma gratitude pour leur confiance et leur soutien. Qu'elles trouvent dans cette thèse l'expression de ma reconnaissance pour leur disponibilité, leur réactivité et leur relecture et de correction de mes travaux. Ce travail n'aurait jamais abouti sans les opportunités et la rigueur scientifique que

vous m'avez donné tout au long de ces années, nos discussions fructueuses et constructives. Mes sincères remerciements vont également à Monsieur **Benoît CHÉNAIS**, Professeur à l'Université le Mans. J'ai apprécié, notamment son sens du dialogue et sa sympathie. Je tiens aussi à remercier Madame **Aurore CARUSO**, Professeure assistant à l'Université le Mans, de sa volonté de ne jamais économiser un effort et un conseil durant ce travail. Je la remercie également pour sa codirection et son guide dans le monde de la recherche, et surtout pour sa grande disponibilité et réactivité. Je remercie également Madame **Françoise DENIS**, Maître de conférences à l'Université le Mans, pour les discussions qu'on a eu. Je remercie également Monsieur **Haitham SGHAIER**, Professeur associé au Centre national des sciences et technologies nucléaires (CNSTN), Sidi Thabet, Technopark et Madame **Afef NAJJARI**, Maître assistante à la faculté des sciences de Tunis, d'accepter aimablement de suivre mes travaux de recherche dans le comité de suivi internationale. J'adresse également mes remerciements à **Khouloud KLAI**, Doctorante en cotutelle entre la FST et l'Université le Mans. Bien plus qu'une simple collègue et amie, elle fut toujours d'une aide scientifique et psychologique inestimable. J'exprime mes vifs remerciements à **Johann Confais**, Docteur à l'INRAE, pour son aide, ses conseils judicieux, ses suggestions, soutien en bio-informatique, et surtout sa grande réactivité malgré les délais serrés et ses engagements. Je remercie tous les membres de laboratoire de biochimie et biotechnologie et de laboratoire de Biologie des Organismes, Stress, Santé et Environnement, enseignants, chercheurs, techniciens et personnels administratifs avec qui j'ai eu le plaisir de travailler.

Je remercie également tous mes enseignants à tous les niveaux qui ont contribué remarquablement à ma formation académique.

Sommaire

Avant propos	1
Synthese bibliographique	4
I-1 Présentation.....	5
I-2 Cycle biologique et Morphologie.....	6
I-3 Variabilité et répartition de l'espèce <i>Bemisia tabaci</i>	8
I-4 Dégâts et impact économique de <i>Bemisia tabaci</i>	11
I-5 La résistance aux insecticides chez <i>Bemisia tabaci</i>	13
I-6 Stratégies de contrôle de <i>Bemisia tabaci</i>	16
I-7 Projet génome de <i>Bemisia tabaci</i>	26
II-1 Présentation et impacts des ETs.....	27
II-2 Cycle de vie des ETs	32
II-3 Classification des ETs chez les eucaryotes	34
III-1 Les Approches de novo pour la recherche des ETs.....	43
III-2 Détermination des ETs à partir des données de séquençage	44
IV-1 Approche basée sur la similarité.....	45
IV-2 Approche basée sur les structures et motifs signatures	45
IV-3 Approche basée sur le mécanisme de transposition.....	46
I-1 Le génome de <i>B.tabaci</i>	48
II-1 L'annotation du génome de <i>B. tabaci</i> avec REPET	50
III-1 Identification des MLEs et de leurs MITEs dérivés	53
V-1 Estimation de la distribution de l'âge des ETs.....	59
V-2 Sites d'insertion des ETs	59
I-1 Statistiques globales des ETs	65
I-2 Les éléments de la classe I.....	66
I-3 Les éléments de la classe II.....	68
I-4 Les éléments transposables en miniatures	69
II-1 Étude des sites d'insertion des ETs	72
II-2 Estimation de l'âge des ETs.....	75
I-1 Identification et caractérisation des éléments de la sous-famille <i>mauritiana</i>	79
I-2 Analyse des caractéristiques de Btmar1.1.....	83

I-3	Identification et caractérisation des éléments de la sous-famille <i>irritans</i>	83
I-4	Caractéristiques de l'élément Btmar2.1	86
II-1	Détection des séquences MITEs dérivant des MLEs.....	90
II-2	Analyse du transcriptome de Btmar1.1 et Btmar2.1.....	93
Matériel et Méthodes		47
I-1	Le génome de <i>B.tabaci</i>	48
II-1	L'annotation du génome de <i>B. tabaci</i> avec REPET	50
III-1	Identification des MLEs et de leurs MITEs dérivés	53
V-1	Estimation de la distribution de l'âge des ETs.....	59
V-2	Sites d'insertion des ETs	59
Résultats		63
I-1	Statistiques globales des ETs	65
I-2	Les éléments de la classe I.....	66
I-3	Les éléments de la classe II.....	68
I-4	Les éléments transposables en miniatures	69
II-1	Étude des sites d'insertion des ETs	72
II-2	Estimation de l'âge des ETs.....	75
I-1	Identification et caractérisation des éléments de la sous-famille <i>mauritiana</i>	79
I-2	Analyse des caractéristiques de Btmar1.1.....	83
I-3	Identification et caractérisation des éléments de la sous-famille <i>irritans</i>	83
I-4	Caractéristiques de l'élément Btmar2.1	86
II-1	Détection des séquences MITEs dérivant des MLEs.....	90
II-2	Analyse du transcriptome de Btmar1.1 et Btmar2.1.....	93
Discussion		95
Conclusion et Perspectives.....		110
Références bibliographiques		114
Annexes		146

Liste des figures

Figure 1 Classification de Bemisia tabaci. (Photo Jixing Xia and Zhaojiang Guo, USDA).....	6
Figure 2 Cycle biologique de Bemisia tabaci selon de Byrne et al.,1991 et Gerling et al., 1996.	8
Figure 3 Répartition de B.tabaci dans le monde (insecticide resistance action committee(IRAC))..	10
Figure 4 Exemples de dégâts engendrés par <i>B. tabaci</i> sur la tomate (a) et le poivron (b) (INRAE 2014).....	13
Figure 5 Exemple des pièges collants jaunes (Photo Jayant Yadav, 2015).....	16
Figure 6 illustration des approches utilisées pour la transformation des plantes grace à l'ARNi.	19
Figure 7 Contrôle transformatif par l'ARNi de <i>B. tabaci</i>	20
Figure 8 Stratégies de contrôle médiées par le phénomène de l'inactivation post- transcriptionnelle d'un gène (PTGS) selon Béclin et Vaucheret 2001.	21
Figure 9 Schéma représentatif des approches de gestion de l'aleurode selon Mahmood et al., 2022.....	23
Figure 10 Schéma explicatif de l'effet du système CRISPR/Cas9 sur l'hérédité du gène modifié par le « gene drive ».....	25
Figure 11 Les effets des éléments Ac et Ds sur la couleur des graines de maïs.	28
Figure 12 Les différents niveaux d'utilisation des ETs par le génome..	31
Figure 13 Exemples d'impacts des ETs sur les génomes.....	32
Figure 14 Schéma explicatif du cycle de vie des ETs selon les trois phases observables (d'après Kidwell et Lisch, 2001).	34
Figure 15 Mécanismes de transposition des éléments transposables de la Classe I (A et B) et de la Classe II (C) (Levin et Moran, 2011).	35
Figure 16 Système de classification des ETs proposé par Wicker et al. (2007). Figure modifiée d'après Wicker et al. (2007)	36
Figure 17 Illustration de la relation entre les éléments autonomes et les éléments non autonomes (TRIM, LARD, SINE et MITE).....	37
Figure 18 schéma représentatif des caractéristiques de la séquence nucléotidique (MLE) et de la séquence de la transposase (transposase) de la famille des MLEs	42

Figure 19 Visualisation de l'assemblage combiné des bibliothèques de séquençage.....	49
Figure 20 Représentation schématique des principales étapes d'analyses effectuées en utilisant le pipeline TEdenovo. D'après Quesneville (2019).....	51
Figure 21 Représentation schématique des principales étapes d'analyses effectuées en utilisant le pipeline TEannot. D'après Quesneville (2019).....	52
Figure 22 Schéma représentant les étapes successives d'identification des MLEs et de leurs MITEs dérivés in silico chez <i>B. tabaci</i>	58
Figure 23 Schéma représentatif de la méthode de recherche des sites d'insertion des copies des ETs et représentation des positions possibles de l'insertion de l'ET par rapport aux gènes. ...	60
Figure 24 Schéma représentatif des étapes de l'analyse transcriptomique afin d'étudier l'expression des séquences MLE complètes selon Perteau et al. 2016.	62
Figure 25 Répartition du génome de <i>B. tabaci</i>	65
Figure 26 Schéma représentatif de la variabilité des superfamilles Copia et Gypsy. La courbe montre la distribution des lignées en fonction des copies de chaque superfamille.	66
Figure 27 Schéma représentatif de la variabilité des superfamilles de l'ordre des TIR. La courbe montre la distribution des lignées en fonction des copies de chaque superfamille.	68
Figure 28 Distribution des valeurs d'identité entre les copies des mTEs et les séquences FLC..	71
Figure 29 Nombre des insertions ETs identifiées dans les familles de gènes de la protéine de liaison de la phosphatidyl-éthanolamine (PEBP), de la cathepsine, de l'UDP-Glucuronosyl-Transférase (UGT), du transporteur ABC et de la Carboxylestérase (CCE) dans le le génome de <i>B. tabaci</i>	73
Figure 30 Représentation schématique des insertions d'ETs dans les six gènes de défense différentiellement exprimés chez <i>B. tabaci</i> sous traitement insecticide.....	74
Figure 31 Chronologie de la distribution de l'âge des ETs dans le génome de <i>B. tabaci</i> . Les étiquettes représentent le pic d'activité des ETs.....	76
Figure 32 Des courbes représentatives de la Distribution de l'âge des éléments de la classe I et de la classe II en millions d'années du génome de <i>B. tabaci</i> ,	77
Figure 33 Relations phylogénétiques basées sur les séquences d'acides aminés reconstruites de chaque lignée des MLEs identifiés et les séquences de référence connues des éléments mariner..	81
Figure 34 Caractéristiques de la séquence complète de l'élément mauritiana Btmar1.1 (1 573 pb)..	84
Figure 35 Modélisation de transposase de l'élément complet Btmar1.1 chez <i>B. tabaci</i>	85

Figure 36 Caractéristiques de la séquence complète de l'élément irritans Btmar2.1 (1 807 pb)..	88
.....	
Figure 37 Modélisation de transposase de l'élément complet Btmar2.1 chez <i>B.tabaci</i> ..	89
Figure 38 Caractéristiques des MITEs dérivés de MLE dans le génome de l'aleurode <i>B. tabaci</i> .	92
.....	
Figure 39 Pourcentage des transposons à ADN chez les trois hémiptères <i>B. tabaci</i> , <i>A. pisum</i> et <i>M. percicae</i> .	98
.....	
Figure 40 Pourcentage des éléments de l'ordre des LTRs chez les trois hémiptères <i>B. tabaci</i> , <i>A. pisum</i> et <i>M. percicae</i> .	101
.....	
Figure 41 Représentation schématique des deux hypothèses 1 et 1 expliquant la distribution des MLEs d'une même Sous-Famille en différentes lignées.	106
.....	

Liste des tableaux

Tableau 1 États de résistance de <i>B.tabaci</i> vis-à-vis aux différents moyens de lutte selon la Comité d'Action contre la Résistance aux Insecticides (IRAC),2020.....	15
Tableau 2 Caractéristiques d'assemblage de génome de <i>B. tabaci</i>	49
Tableau 3 Références nucléiques de MLEs utilisées comme requêtes dans la recherche BLASTN.....	55
Tableau 4 Références de transposases MLEs utilisées comme requêtes dans la recherche tBLASTN (numéro d'ACcession,Espèce,Groupe).....	57
Tableau 5 Statistiques globales des éléments transposables du génome de <i>B.tabaci</i>	67
Tableau 6 Caractéristiques des transposons de type mariner de la sous-famille mauritiana dans le génome de l'aleurode <i>B. tabaci</i>	82
Tableau 7 Caractéristiques des transposons de type mariner de la sous-famille irritans dans le génome de l'aleurode <i>B. tabaci</i>	87
Tableau 8 Analyse des données de l'SRA de l'expression des deux MLE complets (Btmar1.1 et Btmar2.1) suite à un régime alimentaire sur des tomates infectées par le Tomato Yellow Leaf Curl Virus (TYLCV).	94

Liste des abréviations

ADN : acide désoxyribonucléique

ADNc : acide désoxyribonucléique complémentaire

ALP : Alcaline phosphatase

ARN : acide ribonucléique

AP : apurinique/apyrimidinique/ aspartique

ATP: Adénosine-triphosphate

BLAST: Basic Local Alignment Search Tool

CCEs: Carboxylestérases

Cry: Crystal protein

Cyt: Cytolytic protein

CyP450: Cytochrome P450

DDT: Dichloro-Diphényle-Trichloro-éthane

DBD: DNA binding domain

DJR MCP: protéine de capsid majeure double jelly-roll

DIRS: Dictyostelium-like element

EMBL-EBI: European Molecular Biology Laboratory - European Bioinformatics Institute

EN : endonucléase

ERV : Endogenous retrovirus

ET : élément transposable

FLC: Full length copy

Hel: hélicase

HMMs: Hidden Markov Models

HTH : Hélice-Tour-Hélice

IN : intégrase

Indels : insertions et délétions de séquences nucléotidiques

IS : Insertional Sequences

IRAC : Comité d'Action contre la Résistance aux Insecticides

Kdr: knock-down resistance

LARD: *L*Arge *R*etrotransposon *D*erivative

LINE: Long Interspersed Nuclear Element

LTR: *L*ong *T*erminal *R*epeats

Mb: mega base

MITE: *M*iniature *I*nverted-*r*epeat *T*ransposable *E*lements

MLE: *M*ariner *l*ike *e*lements

NCBI: National Center for Biotechnology Information

NGS: Next generation sequencing

ORF: *O*pen *R*eadin*G* *F*rame

Pb : paire de bases

PLE : *P*enelope-*L*ike *E*lements

POL : polyprotein

PR : protéase codée par polymérase

Rep, initiateur de la réplication ;

RH : Ribonucléase H

RT : rétro-transcriptase

Rdl : Résistance à la dieldrine

rDNA: ARN ribosomal

SINE : *S*hort *I*nterspersed *N*uclear *E*lement

SJR mCP : protéine de capsid mineure de jelly-roll unique

TIR : *T*erminal *I*nverted *R*epeats

TRIM : *T*erminal-*r*epeat *R*etrotransposons *I*n *M*iniature

TSD: Terminal Side Duplication

UTR: Untranslated Transcribed Region

UGTs : Uridine-glycosyltransférases

YR : tyrosine recombinase

Liste des publications et communications

Publications concernant le sujet de thèse

- **Zidi, M.**, Klai, K., Confais, J., Chénais, B., Caruso, A., Denis, F., Mezghani Khemakhem, M & Casse, N. Genome wide screening of transposable elements in the whitefly, *Bemisia tabaci* (Hemiptera: *Aleyrodidae*) revealed insertions into genes associated with insecticide resistance. *Insects* **2022**, <https://doi.org/10.3390/insects13050396>
- **Statut:** Publié
- **Zidi, M.**, Denis, F., Klai, K., Chénais, B., Caruso, A., Djebbi, S., Mezghani Khemakhem, M & Casse, N. Genome-wide characterization of Mariner Like transposons and their derived MITEs in the Whitefly *Bemisia tabaci* (Hemiptera: *Aleyrodidae*). *G3 Genes| Genomes| Genetics* **2021**. <https://doi.org/10.1093/g3journal/jkab287>
Statut: Publié

Autres publications

- Klai, K.; **Zidi, M.**; Chénais, B.; Denis, F.; Caruso, A.; Casse, N.; Mezghani Khemakhem, M. Miniature Inverted-Repeat Transposable Elements (MITEs) in the Two Lepidopteran Genomes of *Helicoverpa armigera* and *Helicoverpa zea*. *Insects* **2022**, 13,313. <https://doi.org/10.3390/insects13040313>
Statut: Publié
- Klai, K., Chénais, B., **Zidi, M.**, Djebbi, S., Caruso, A., Denis, F., Confais, J., Badawi, M., Casse, N & Mezghani Khemakhem, M. Screening of *Helicoverpa armigera* mobilome revealed transposable element insertions in insecticide resistance genes. *Insects* **2020**, 11, 879. <https://doi.org/10.3390/insects11120879>
Statut: Publié

Communications lors de congrès nationaux ou internationaux

- Journée internationale de bioinformatique, « Whole genome annotation of transposable elements using PiRATE », Novembre 2019, Boumerdes, Algérie. Présentation poster.
- 30^{ème} congrès des sciences biologiques et de biotechnologie de l'association tunisienne des sciences biologiques, « Evolution and diversity of miniature inverted repeats in the white fly genome », Mars 2019, Tunisie. Présentation poster.
- 29^{ème} congrès des sciences biologiques et de biotechnologie de l'association tunisienne des sciences biologiques, « Mariner like element annotation and dynamics in the genome of *Bemisia tabaci* », Mars 2018, Tunisie. Présentation orale.

Avant-propos

L'évolution de la biologie moléculaire et le développement de nouvelles approches bio-informatiques ont joué un rôle capital dans le séquençage exhaustif du génome et ont permis de mieux comprendre la composition complexe de ce dernier. Le génome, qui constitue l'ensemble de la séquence d'ADN d'un organisme, ne fournit pas uniquement la section codante appelée gènes, mais aussi d'autres composants constitués principalement d'éléments répétitifs. Cette section constitue généralement la partie la plus volumineuse du génome. En fait, les éléments répétitifs ou (répétome) se répartissent en différentes classes en fonction de plusieurs critères tels que la structure et le mode de multiplication. Ces éléments sont soit structurés comme des réseaux de répétitions en tandem, soit comme des éléments transposables dispersés dans le génome.

Les éléments transposables (ETs) représentent des segments d'ADN qui peuvent se déplacer d'une région chromosomique ou plasmidique à une autre au sein d'un génome hôte. Ces éléments peuvent également infecter de nouveaux hôtes par transfert horizontal sans utiliser leur propre machinerie moléculaire (Piegu et al., 2015). Tous les génomes eucaryotes contiennent des éléments transposables. Chez les insectes, le contenu en ETs est généralement considéré comme un bon prédicteur de la variation de la taille du génome. Par exemple, le plus petit génome d'insecte de *Belgica antarctica* qui consiste en 99 Mb, montre un contenu extrêmement faible en ETs, de l'ordre de 1% (Kelley et al., 2014a ; Kelley et al., 2014b). Par ailleurs, la masse génomique des ETs est supérieure à 60 % pour le plus grand génome d'insecte séquencé qui est celui du criquet, *Locusta migratoria*, avec une taille de 6,5 Gb (Wang et al., 2014b). Il est également intéressant de noter qu'il y a une différence de cinq fois la taille du génome entre *Anophele gambiae* (278 Mb) et *Aedes aegypti* (1380 Mb), avec une disparité à peu près similaire dans le contenu des ETs (11% et 47%, respectivement) (Nene et al., 2007). La variation du contenu en ETs et leur présence avec une telle proportion suggèrent que les ETs jouent un rôle important dans l'évolution et l'adaptation à l'environnement dans les génomes d'insectes.

L'espèce hémiptère *Bemisia tabaci* présente une grande adaptabilité et une résistance à presque tous les pesticides utilisés pour son contrôle. Elle résiste aux organophosphates, aux carbamates, aux pyréthrinoïdes ainsi qu'aux néonicotinoïdes et à la buprofézine (Horowitz et al., 2020).

Le génome séquencé de cet insecte est une ressource précieuse pour étudier l'adaptation du génome et son évolution (Chen et al. 2016). Par conséquent, nous nous sommes

concentrés sur l'annotation des ETs dans le génome de *B. tabaci* car ces éléments demeurent des acteurs clé dans l'évolution adaptative des espèces. Une meilleure compréhension de la biologie de *B. tabaci* est cruciale pour développer une stratégie de contrôle efficace de ce ravageur des cultures maraichères.

L'objectif de ma thèse s'articule autour des questions suivantes :

- 1) Quelle est la composition et la diversité des ETs chez *B. tabaci* ?
- 2) Quel est l'âge des ETs dans le génome l'aleurode du tabac ?
- 3) Quels sont les ETs insérés dans/ou aux alentours des gènes impliqués dans la résistance aux insecticides ?

Synthèse bibliographique

I- L'hémiptère *Bemisia tabaci*

I-1 Présentation

Bemisia tabaci a été initialement nommée *Aleyrodes tabaci*, Gennadius, est un aleurode collecté sur du tabac en Grèce (Gennadius, 1889). Onze ans après cette description, l'aleurode, *Aleyrodes inconspicua* Quaintance, a été découvert sur la plante *Physalis alkekengi* L. dans le sud-est des Etats-Unis (Quaintance, 1900). En 1914, cette espèce d'hémiptère a été transférée dans un nouveau genre, *Bemisia*, donnant naissance à *Bemisia inconspicua* (Quaintance et Baker, 1914). Cependant, Quaintance et Backer (1914) n'ont pas pu inclure *A. tabaci* dans le nouveau genre à cause d'une "description inadéquate". Pendant les 50 années suivantes, 19 autres espèces d'aleurodes de 14 pays différents ont été décrites sur une variété de plantes hôtes. Takahashi (1936) a placé *tabaci* dans le genre *Bemisia*, ce qui a donné *Bemisia tabaci* (Gennadius), qui existe encore aujourd'hui.

La mouche blanche, *B. tabaci* appartient à la sous-famille des *Aleyrodinae*, de la famille des *Aleyrodidae* et de la superfamille des *Aleyrodoidea*, qui est classée soit dans l'ordre des Homoptères soit dans celui des Hémiptères (Figure 1) (Richards et Davies, 1977 ; Woodward et al., 1970). Les aleurodes, comme les pucerons, produisent du miellat, transmettent des virus végétaux (Jones, 2003 ; Blackman et Cahill, 1998) et hébergent des endosymbiontes tels que *Hamiltonella*, *Rickettsia*, *Porteira* et *Wolbachia* (Baumann, 2005). Contrairement à la plupart des insectes herbivores, *B. tabaci* est un phytophage de divers hôtes tels que la tomate, le piment, l'aubergine et le concombre (Oliveira et al., 2001 ; Navas-Castillo et al., 2011). Cet insecte cause des dommages aux cultures en propageant des virus et en produisant des dommages physiologiques ce qui provoque des répercussions agroécologiques importantes à l'échelle mondiale (Lee *et al.*, 2013). En outre, la mouche blanche a développé une résistance importante aux pesticides (Nauen et Denholm, 2005 ; Guo et al., 2022), ce qui rend les méthodes de gestion standard inefficaces. Par conséquent, de nouvelles méthodes de gestion de ce ravageur sont nécessaires.

Nom scientifique	<i>Bemisia tabaci</i>	
Classification supérieure	Bemisia	
Embranchement	Arthropoda	
Famille	Aleyrodidae	
Ordre	Hemiptera	
Sous-ordre	Sternorrhyncha	

Figure 1 Classification de *Bemisia tabaci*. (Photo Jixing Xia and Zhaojiang Guo, USDA)

I-2 Cycle biologique et Morphologie

L'aleurode *B. tabaci* est une espèce haplodiploïde, ce qui signifie que les mâles émergent d'œufs non fécondés et contiennent 10 chromosomes au lieu des 20 chromosomes observés chez les femelles diploïdes. Par conséquent, les mâles héritent uniquement du génome maternel (Blackman et Cahill, 1998). Les femelles des aleurodes pondent leurs œufs, dont la taille varie de 0,8 à 1 mm, sur la face inférieure des feuilles, en créant une fente avec leur ovipositeur (Buckner et al., 2002). Un pédoncule minuscule est présent dans l'œuf pour assurer l'acheminement des spermatozoïdes lors de la fécondation et pour permettre sa fixation lors de la ponte sur la plante hôte. Ce dernier correspond à une extension munie de crochets (Cock, 1986 ; Drost *et al.*, 1998 ; Byrne et Bellows, 1991). Le détachement des œufs de la feuille entraîne la mort par déshydratation (Buckner et al., 2002). La durée du stade de l'œuf varie en fonction de la température et la plante hôte. À 25 °C, la durée de ce stade est de 14 à 16 jours sur les haricots, 6,37 jours sur le tabac, 7,30 jours sur la tomate et 7,7 jours sur le coton (Cock, 1986 ; Delatte et al. 2009).

La larve (L1) du premier stade est transparente à opaque, et sa couleur varie du vert pâle au jaune et mesure 0,3 mm de long. À ce stade, la larve est mobile, mais seulement à quelques millimètres de la coquille de l'œuf et représente quatre à cinq segments au niveau des pattes et deux à trois au niveau des antennes (Azab et al., 1970) (Figure 2). De chaque côté de la cavité abdominale, se trouve une tache jaune, le mycétome, qui est bien visible à travers les téguments (El-Helaly et al., 1971).

Le deuxième et le troisième stade larvaires (L2 et L3) sont ovales à allongés et mesurent respectivement 0,4 et 0,5 mm. Certains sont circulaires ou presque en forme de cœur. Le corps est jaune verdâtre, le mycétome est jaune orange tandis que les pattes et les antennes sont atrophiées (Azab, et al. 1970).

Le quatrième stade larvaire précoce est jaune verdâtre et de forme elliptique et mesure 0,6 mm de long. Les yeux sont toujours de petite taille comme dans les stades précédents. Il n'y a pas de mue entre le quatrième stade précoce et le quatrième stade tardif.

Le quatrième stade tardif mesure 0,7 mm de longueur et 0,36 mm de largeur dans sa partie la plus large, le mésothorax. Les yeux ressemblent à deux taches rouges resserrées au milieu bien visibles, alors que les mycétomes sont moins apparents. Le nombre et la distribution des soies dorsales à ce stade larvaire dépendent de la plante hôte (Harakly 1974). L'adulte émerge de la (L4) qui sert de puparium de métamorphose par une ouverture en forme de T. À ce stade l'adulte se distingue par une augmentation de taille pour atteindre 0,8 à 0,9 mm et une coloration jaune blanchâtre issue du dépôt de cire sur le corps et les ailes, sa couleur devient totalement blanche en quelques heures (Azab, *et al.* 1970 ; Byrne et Bellows, 1991). Le cycle de vie de *B. tabaci* varie considérablement en fonction des températures et des plantes hôtes. Il est plus court en été (14-20 jours), qu'en hiver (74-75 jours) (Azab et al. 1971). Par exemple, à 26,7°C la durée de développement est réduite de 30% sur la laitue, le concombre et la courge par rapport au brocoli ou le carotte (Coudriet et al. 1985). *B. tabaci* se reproduit tout au long de l'année. Les adultes et les œufs sont trouvés pendant l'hiver sur les plantes nouvellement germées ou en cours de germination (Gerling, 1984).

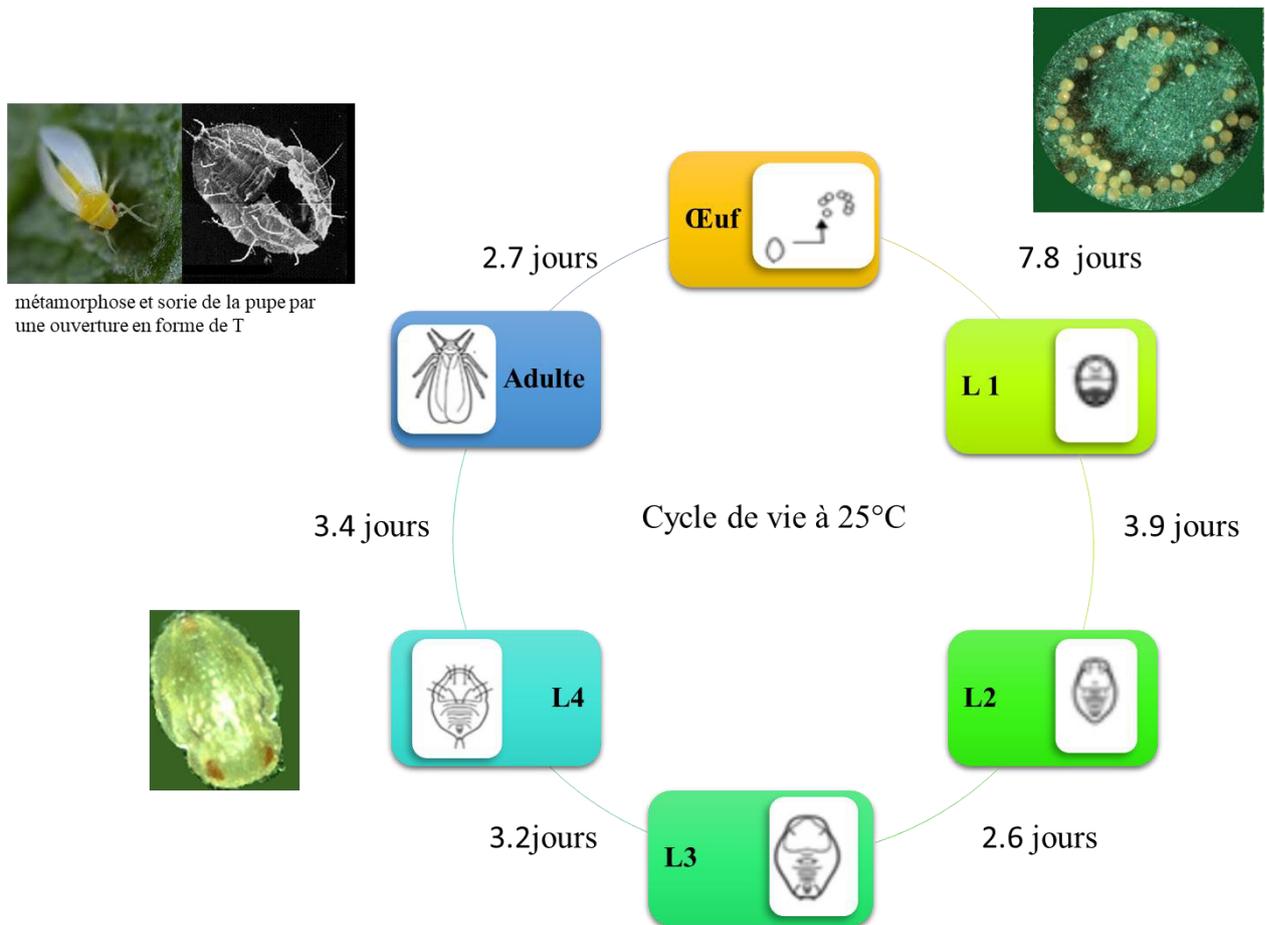


Figure 2 Cycle biologique de *Bemisia tabaci* selon de Byrne et al., 1991 et Gerling et al., 1996.

I-3 Variabilité et répartition de l'espèce *Bemisia tabaci*

Il existe 46 "biotypes" différents de l'espèce *B. tabaci*. Auparavant, *B. tabaci* était classé en biotypes en fonction de différentes caractéristiques biologiques, telles que la préférence de la plante hôte, la fécondité, la capacité à transmettre des bégomovirus, la dispersion et la résistance aux insecticides (Bedford et al., 1994 ; Dinsdale et al., 2010 ; De Barro et al., 2011 ; Kanakala et Ghanim, 2019 ; Rehman et al., 2021). Le terme biotype n'est plus utilisé et *B. tabaci* est reconnu comme un complexe d'espèces cryptiques morphologiquement indiscernables. L'analyse moléculaire du gène de la cytochrome oxydase I mitochondriale (mtCOI) peut différencier les différentes espèces cryptiques complexes (De Barro, 2012). En effet, la valeur seuil de divergence génétique pour identifier le complexe d'espèces de *B. tabaci* a été fixée à 3,5 % (Dinsdale et al. 2010 ; Perring et al. 2018).

À la suite de la nouvelle classification des espèces cryptiques, peu de recherches ont été menées sur la comparaison entre les différentes espèces. Il est donc difficile de déterminer les véritables différences entre certaines de ces espèces. Les espèces cryptiques les plus envahissantes du complexe sont le « Middle East-Asia Minor 1 » (MEAM1, connu sous le nom de biotype B) et la « Mediterranean » (MED, connu sous le nom de biotype Q) (Gueguen et al., 2010). En raison de la nature invasive de MED et MEAM1, plus de recherches ont été menées sur ces deux espèces que sur les autres. Ces dernières, peuvent coexister dans le même lieu géographique et sur les mêmes hôtes. Cependant, des changements significatifs de dominance entre les espèces sont observés (Bertin et al., 2018). Sans traitement insecticide, MED domine sur MEAM1 sur le poivron, mais MEAM1 domine MED sur le coton-chou et la tomate (Sun et al., 2013).

L'aleurode *B. tabaci*, est une espèce cosmopolite possédant une vaste aire de répartition et quatre continents sont touchés (L'Asie, L'Afrique, L'Europe et L'Amérique) (Dinsdale et al., 2010 ; Firdaus et al., 2013 ; Roopa et al., 2015 ; Kanakala et Ghanim, 2019).



Figure 3 Répartition de *B. tabaci* dans le monde (insecticide resistance action committee(IRAC)). Les rectangles verts marquent la présence *B. tabaci*. Les pays écrit en rouge appartiennent au continent Asiatique, les pays écrit en verts appartiennent au continent de l'Afrique, les pays écrit en noirs appartiennent au continent de l'Amérique et les pays écrit en bleus appartiennent au continent de l'Europe.

I-4 Dégâts et impact économique de *Bemisia tabaci*

B. tabaci transmet sept groupes distincts de virus végétaux, dont les géminivirus, les clostérovirus, les carlavirus, les rudivirus, les potyvirus, les népovirus, et les lutéovirus (Duffus, 1996a ; Duffus, 1996b ; Oliveira et al., 2001 ; Navas-Castillo et al., 2011 ; Panini et al., 2017). Les géminivirus (Famille Geminiviridae : Genre Begomovirus) et les clostérovirus (Famille Closteroviridae : Genre Crinivirus) sont la cause des plus importantes pertes économiques (Navas-Castillo et al., 2011). Plusieurs cultures maraichères telles que le manioc, les haricots, le niébé, le soja, le coton, le tabac, les tomates, les poivrons, le gombo, la courge, le melon, la pastèque, la laitue, et la papaye ont toutes été affectées par les maladies virales transmises par l'aleurode (Navas-Castillo et al., 2011).

Les géminivirus infectent les tomates dans presque tous les pays où elles sont commercialement cultivées. Dans les années 1960, Les épidémies du Tomato yellow leaf curl virus (TYLCV) étaient dispersées au Moyen-Orient (Cohen et Harpaz, 1964) et sont devenues un problème économique majeur depuis le début des années 1970, avec des pertes totales de récolte (Czosnek et Laterrot, 1997). A la fin des années 1970, le virus avait infecté toutes les régions productrices de tomates au Moyen-Orient (Abak et al., 1991 ; Czosnek et Laterrot, 1997). Le TYLCV a aussi provoqué des pertes importantes de tomates dans le sud de l'Europe (Benuzzi et al, 1990 ; Traboulsi, 1994). Par la suite, le virus s'est répandu en Asie, en Afrique, en Europe, aux Caraïbes, au Mexique et en Amérique du Nord. Certains de ces géminivirus infectent également les poivrons et d'autres cultures horticoles d'importance économique (Morales et Anderson, 2001).

Les clostérovirus transmis par les aleurodes (Famille Closteroviridae : Genre Crinivirus) ont été récemment identifiés comme une cause majeure de perte de récolte dans le bassin méditerranéen, en Amérique du Nord et au Moyen-Orient (Wisler et al., 1998). En 1981, le Lettuce Infectious Yellow Virus (LIYV) transmis par *B. tabaci* a causé des pertes de 20 millions de dollars US en laitue, betteraves à sucre et melons (Duffus et al., 1996 ; Wisler et al., 1998).

La mouche blanche *B. tabaci* peut aussi induire des troubles physiologiques et d'autres aspects des dégâts des plantes. En effet, lorsque ce ravageur se nourrit du phloème des plantes et prélève la sève, il provoque le jaunissement de la plante, une chute précoce des feuilles et une diminution de la croissance des fruits (Oliveira *et al.*, 2001 ; Navas-Castillo *et*

al., 2011 ; Panini *et al.*, 2017). Depuis 1987, l'augmentation des populations de *B. tabaci* en Floride, Arizona, Californie, Porto Rico, Texas et Hawaii a été liée à des maladies des plantes d'étiologie peu claire (Costa *et al.*, 1993). Le biotype B a été lié au Squash Silverleaf (SSL) qui est un désordre physiologique dû au développement de larges espaces entre les cellules de mésophylle palissadique (Yokomi *et al.*, 1990 ; Zhang *et al.*, 2017). Cette épidémie peut induire un mûrissement irrégulier de la tomate (Maynard et Cantliffe, 1989), un blanchissement de la tige du potiron (Costa et Brown, 1991), des stries blanches dans les cultures de choux (Brown *et al.*, 1992), une réduction de la croissance, et un jaunissement ou un blanchissement des tiges des laitues (Costa *et al.*, 1993 ; Bedford *et al.*, 1994).

En 2010, *B. tabaci* a causé d'importantes pertes annuelles de récoltes chiffrables en millions de dollars simplement en infectant les plantes par le TYLCV (Barnouin *et al.*, 2010). L'alimentation directe et les excréments de miellat favorisent la formation de moisissures qui ont un impact quantitatif et qualitatif sur la production agricole, l'augmentation des dépenses de lutte, ainsi que la diminution de la qualité de marchandise et de la rentabilité des produits, sont également des facteurs importants (Ellsworth, 1999). Depuis 1974, la plupart des pays du bassin méditerranéen ont connu des graves infestations de *B. tabaci*. En Italie et au sud de la France, des dégâts importants ont été observés sur le poinsettia, les poivrons et les tomates (Traboulsi, 1994) (Figure 4). Cet insecte a été signalé aussi comme un ravageur important en Algérie, Arabie Saoudite, Bahreïn, Egypte, Emirats Arabes Unis, Irak, Jordanie, Koweït, Liban, Libye, Malte, Maroc, l'Iran, Somalie, Tunisie, Turquie et Yémen qui attaque les légumes et les plantes ornementales (Traboulsi, 1994). Il est également présent sur les agrumes et le coton au Pakistan et en Israël et sur les olives et les poires au Maroc (Traboulsi, 1994).



(a)



(b)

Figure 4 Exemples de dégâts engendrés par *B. tabaci* sur la tomate (a) et le poivron (b) (INRAE 2014)

I-5 La résistance aux insecticides chez *Bemisia tabaci*

L'aleurode *B. tabaci* a développé une résistance aux insecticides tels que les chlordécones, les carbamates, les organophosphorés, les pyréthrinoïdes, nicotinoïdes et les régulateurs de croissance des insectes (RCIs) utilisés pour protéger les cultures dans le monde entier (Horowitz et Ishaaya, 1996 ; Denholm et al., 1996 ; Paré-chamontin, 2010 ; Vasconcelos et al., 2017)(Tableau 1).

I-5-1 La résistance aux pyréthrinoïdes

Plusieurs recherches ont été effectuées pour comprendre les mécanismes de l'insensibilité de cet insecte aux pyréthrinoïdes depuis les années 1980. Cette résistance a été liée à des mutations du site cible dans les canaux sodiques et a été répandue dans le monde entier (Basit, 2018 ; Sivasupramaniam et Watson, 2000, Roditakis et al., 2005).

La surveillance des populations de *B. tabaci* collectées sur le terrain en 1995 a confirmé des réductions significatives de la sensibilité aux pyréthrinoïdes sur les cultures du coton (Dennehy et Williams, 1997 ; Dennehy et al., 1997), En fin de saison de culture, des pertes énormes de rendement et des contaminations importantes ont été détectées suite à l'utilisation répétée de cet insecticide qui n'est plus adapté à la lutte contre cet insecte.

I-5-2 La résistance aux nicotinoïdes

La résistance aux nicotinoïdes est particulièrement liée à la présence de niveaux importants de CYP6CM1 qui est une enzyme P450 exprimée avec un taux élevé chez les adultes de *B. tabaci*. Des preuves de résistance aux nicotinoïdes ont été démontrées suite à l'exposition continue en laboratoire de *B. tabaci* à l'imidaclopride (Prabhaker et al., 1997). Cette sensibilité a été confirmée aussi par Elbert et Nauen (2000). Une résistance croisée significative entre l'imidaclopride, le thiaméthoxame et l'acétamipride a été confirmée ultérieurement par des comparaisons entre les nicotinoïdes (Horowitz et al., 2004). Par conséquent, il est fortement recommandé de porter une attention rigoureuse aux stratégies approuvées de gestion de la résistance de ce ravageur (Elbert et Nauen, 1996).

Tableau 1 États de résistance de *B.tabaci* vis-à-vis aux différents moyens de lutte selon la Comité d'Action contre la Résistance aux Insecticides (IRAC),2020

Mode d'action	Classe chimique / Composés	Résistance	
		Stade juvénile	Adulte
Inhibiteurs de l'acétylcholinestérase	Carbamates	Répandu à l'échelle mondiale	
	Organophosphorés	Répandu à l'échelle mondiale	
Modulateurs de canal sodium	Pyréthroïdes	Répandu à l'échelle mondiale	
Modulateurs des récepteurs nicotiques de l'acétylcholine (nAChR)	Néonicotinoïdes	Aucun cas signalé	Plusieurs emplacements
	Sulfoxaflor	Cas rares	
	Flupyraditone	Cas rares	
Imitation de l'hormone juvénile	Pyriproxifène	Plusieurs emplacements	Aucune activité à ce stade
*Modulateurs d'organes chordotonaux	Pymétrozine Pyrifluquinqton	Aucun cas signalé	Plusieurs emplacements
	Afidopyropen	Aucun cas signalé	
Inhibiteurs de l'ATP synthase mitochondriale	Diafenthiuron	Cas rares	
Inhibiteurs affectant la biosynthèse de la chiline CHS1	Benzoylurée	Aucun cas signalé	
Inhibiteurs de la biosynthèse de la chitine, type 1	Buprofézine	Cas isolés	
Inhibiteurs du complexe mitochondrial I	<i>Staphylococcus méti-S</i>	Cas isolés	
Inhibiteurs de l'acétyl CoA carboxylase	Spiromesiten / Spirotetramat	Cas isolés	Aucune activité à ce stade
Modulateurs des récepteurs de la ryanodine	Cyantranilprole	Aucun cas signalé	
*Modulateurs d'organes chordotonaux - site cible non défini	Fonicamide	Aucun cas signalé	
	Azadirachtine	Aucun cas signalé	
Agents bactériens (non-BT) inconnu	<i>par exemple. Chromobacterium spp.</i>	Aucun cas signalé	
Essences biologiques inconnu	<i>par exemple. Mono-esters d'acides gras</i>	Aucun cas signalé	
Agents fongiques inconnu	<i>par exemple. Beauveria bassiana</i>	Aucun cas signalé	
Perturbateurs mécaniques non spécifiques	Terre de diatomée	Aucun cas signalé	

*Modulateurs des organes chorodotonaux sont des substances dotées d'une activité permettant de moduler la variation de pression (air, eau), de détecter la gravité et de faire la perception de la position des différentes parties du corps

I-6 Stratégies de contrôle de *Bemisia tabaci*

I-6-1 Stratégies de contrôle conventionnelles

Le potentiel des populations de *B. tabaci* à développer des résistances suite à l'utilisation généralisée d'insecticides chimiques a suscité des recherches sur les systèmes de lutte intégrée dans lesquels la lutte biologique pourrait jouer un rôle clé grâce au rôle important des prédateurs et des parasitoïdes (Heinz et Nelson, 1996; Legaspi, 1996, Gerling et al., 2001; Naranjo, 2001). En fait, la plupart des champignons entomopathogènes infectent leurs hôtes en pénétrant directement la paroi corporelle. Selon les études de Lacey et al (1996), ils sont l'un des plus importants adversaires naturels des aleurodes. La majorité des infections fongiques des aleurodes sont causées par les espèces *Hyphomycetes*, y compris *Paecilomyces*, *Verticillium*, et *Aschersonia spp* (Panini et al., 2017). Par exemple, les épizooties causées par *Paecilomyces fumosoroseus* peuvent conduire à des diminutions importantes des populations de *B. tabaci* pendant ou après les saisons des pluies ou pendant des périodes prolongées de conditions fraîches et humides dans les champs et les serres (Carruthers et al., 1993 ; Lacey et al., 1993 ; Castineiras, 1995).

Pour lutter contre ce ravageur, des protections physiques ont aussi été mise en place, ces dernières consistent à installer des pièges collants jaunes et/ou des moustiquaires sur les entrées d'air et les portes des serres, Ces moyens ne permettent pas d'arrêter complètement le passage des populations de mouches blanches mais d'en réduire le nombre (Calmets, 2011) (Figure 5). Malgré toutes les recherches et les développements des processus de lutte, *B. tabaci* se montre résistante et continu d'être une source de nuisance pour les agriculteurs.



Figure 5 Exemple des pièges collants jaunes (Photo Jayant Yadav, 2015)

I-6-2 Stratégies de contrôle basées sur la génomique

En plus du contrôle par les stratégies conventionnelles, des techniques modernes basées sur la génomique, y compris l'utilisation des séquences transgéniques, de l'ARNi, ainsi que les outils d'édition de gènes tels que les répétitions palindromiques (Clustered Regularly Interspaced Palindromic Repeats CRISPR) et le gène drive (GD) basé sur CRISPR/Cas9, sont apparus comme des outils prometteurs qui peuvent aider dans la gestion de ce ravageur.

❖ Résistance de la plante hôte (RPH)

Le processus de la résistance naturelle de l'hôte contre *B. tabaci* est efficace et écologique. Pour explorer les mécanismes de résistance et de tolérance, plusieurs comparaisons ont été faites sur différentes plantes hôtes sensibles et résistantes, telles que le gombo, le coton, les légumineuses et les cultures des solanacées qui ont été criblés pour les infestations de *B. tabaci* au niveau du laboratoire et du champ (Suhag et al., 2020).

Chez la tomate sauvage, les trichomes glandulaires produisent des métabolites secondaires, notamment des sucres acylés, des sesquiterpènes et des méthyles cétones, qui ont une influence sur le comportement de reconnaissance de l'hôte de *B. tabaci* ainsi que sur sa résistance, tandis que chez le coton, les cires cuticulaires épaisses contiennent une forte concentration de sels inorganiques qui facilitent la résistance de l'hôte contre *B. tabaci* (Firdaus et al., 2013 ; Snyder et al., 1998). Parmi les différents types, les trichomes glandulaires de type IV ont été utilisés pour réduire l'infestation par *B. tabaci* chez la tomate sauvage, *Solanum peruvianum* (Fortes et al., 2020).

Une étude sur les tomates a rapporté que la production élevée des flavonoïdes empêche la colonisation et la fixation des aleurodes. L'efficacité de la succion de la sève et le pouvoir des aleurodes sur les tomates se sont réduits en raison de la teneur élevée en flavonoïdes, ce qui a également empêché la propagation du TYLCV. Par conséquent, les flavonoïdes pourraient être utilisés dans la gestion des aleurodes et du TYLCV (Snyder et al. 1998). Des études récentes ont permis d'identifier différents gènes et voies, différenciellement exprimés chez le coton sous l'effet de *B. tabaci* (Naqvi et al., 2017 ; Naqvi et al., 2019 ; Zaidi et al. 2020).

❖ L'utilisation des petits ARN interférents (ARNi)

Au cours des dernières décennies, l'ARNi a été un outil efficace pour mettre en évidence la résistance des plantes à de nombreux microbes/insectes et pour élucider les

fonctions des gènes. Cette technique a été décrite pour la première fois chez *Caenorhabditis elegans*, ce qui a facilité le développement de nouvelles approches pour lutter contre les insectes et les ravageurs de manière efficace. Cette approche est également connue sous le nom d'extinction post-transcriptionnelle des gènes (PTGS) car la dégradation de l'ARNm spécifique à la séquence a lieu par l'induction d'ARN exogènes. En général, les cultures génétiquement modifiées expriment des ARNdb et offrent un grand potentiel pour la gestion des insectes ravageurs, il existe aussi les approches non-transformatrices de l'ARNi qui incluent notamment la pulvérisation foliaire, l'injection dans le tronc et l'irrigation (Figures 6 et 7).

Chez les insectes, on distingue trois voies différentes : la voie à médiation par les ARNsi et/ou les ARNdb, la voie des ARNmi et la voie à interaction piwi.

Toutes ces voies jouent divers rôles tels que la défense contre les éléments transposables et les virus par la voie des ARNsi, la régulation de l'expression des gènes par la voie des ARNmi et la suppression de l'expression des transposons de la lignée germinale par la voie des ARNpiwi (Yan et al. 2020), en fait, les voies des ARNi peuvent varier selon les espèces d'insectes. Les insectes préfèrent absorber les ARNdb plutôt que les ARNsi par endocytose clathrine dépendante chez les coléoptères et les diptères, tandis que les ARNsi peuvent être utilisés chez d'autres espèces d'insectes (Borgio 2010).

L'ARNi est un mécanisme de répression génétique qui cible des gènes spécifiques pour le contrôle, la croissance et le mode d'alimentation des insectes. Grâce à ce mécanisme, les ARNdb exogènes sont introduits dans la cellule par l'intermédiaire d'une des protéines porteuses nommées, RNA interférent déficiente -1 (SID-1) (Winston et al., 2002) en cooptant le mécanisme de défense cellulaire. À l'entrée dans la cellule, les ARNdb sont clivés par un DICER, un membre de la famille des ribonucléases (RNase) III, formant ainsi des ARN interférents courts (RNAsi) dont la taille varie de 21 à 25 pb.

Le complexe RISC est un complexe multi-protéique qui peut couper et dégrader les brins de l'ARNsi en laissant que le brin guide qui dispose de la séquence complémentaire au gène cible. En fonction de sa reconnaissance, le guide peut s'incorporer au complexe RISC et se lier à l'ARNm spécifique. Lorsque la protéine RISC trouve la cible, elle se lie et la dégrade à l'aide de la RNase argonaute, composante du complexe RISC (Figure 8) (Scott et al. 2013).

Irrigation de la plante avec un
solution d'ARNi

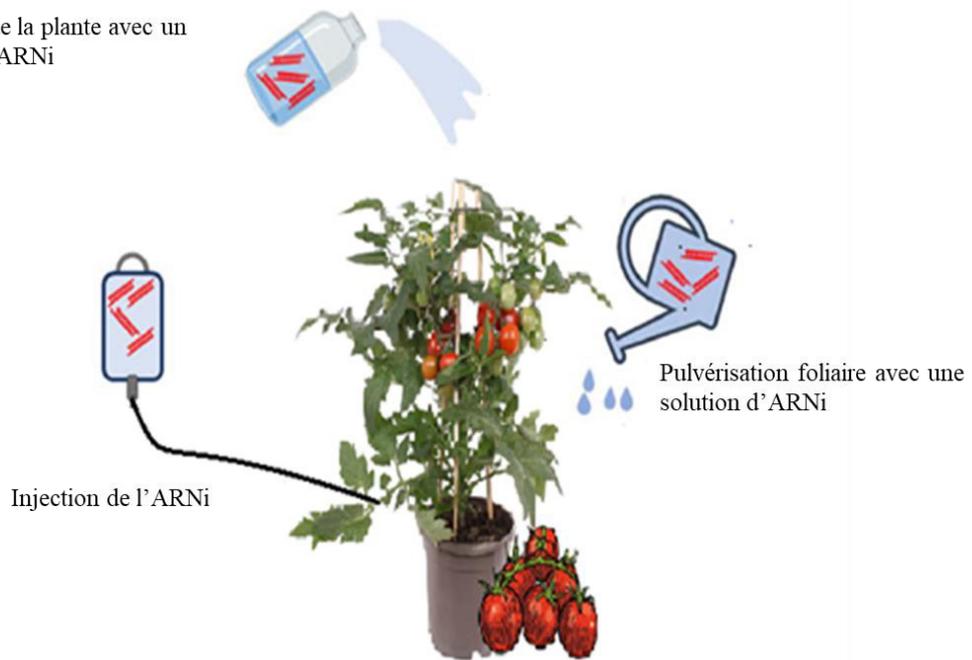


Figure 6 illustration des approches utilisées pour la transformation des plantes grace à l'ARNi.



B.tabaci se nourrit sur une plante de tomate transgénique

Figure 7 Contrôle transformatif par l'ARNi de *B. tabaci*

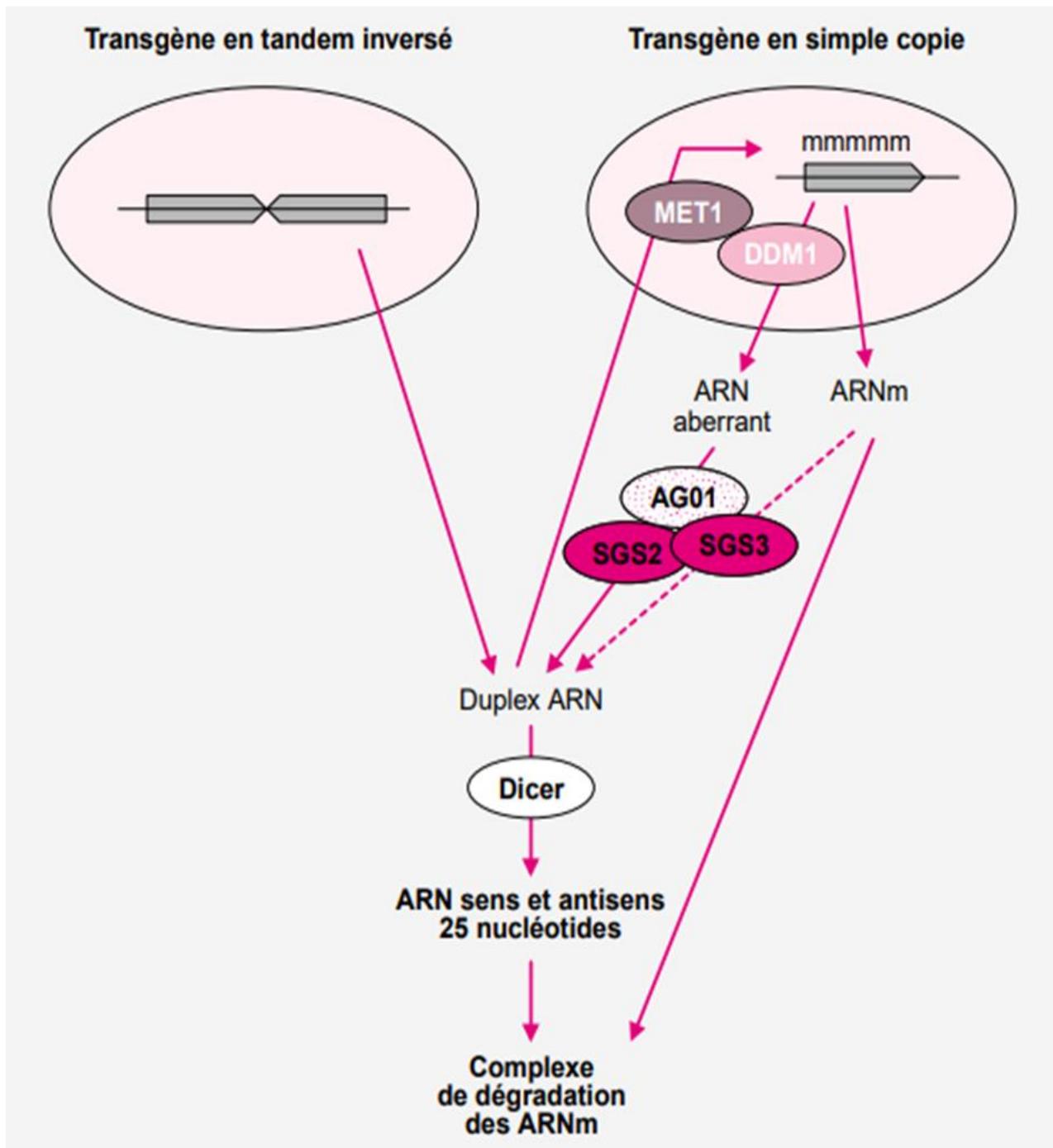


Figure 8 Stratégies de contrôle médiées par le phénomène de l'inactivation post-transcriptionnelle d'un gène (PTGS) selon Béclin et Vaucheret 2001. Lorsqu'il s'agit d'un transgène répété inversé, un ARN double sera transcrit. Ces derniers sont ensuite clivés par une RNase double brin (Dicer), donnant ainsi de petits fragments d'environ 25 nucléotides d'ARNdb. Ces 25 nucléotides d'ARNdb peuvent ensuite guider la décomposition des ARNm homologues formant un complexe dégradé. Lorsque le transgène est une copie unique, une transcription intense en présence de la protéine DDM1 peut induire une structure de la chromatine au niveau du transgène, favorisant la transcription des ARN instables. La protéine AGO1, homologue du facteur eIF2C, peut reconnaître les ARN instables et/ou les protéger de la dégradation pour permettre leur utilisation comme matrice par la protéine SGS2 (RdRP), éventuellement supportée par la protéine SGS3, pour la synthèse des duplexes d'ARN. En

présence de la protéine MET1, ces duplexes d'ARN peuvent participer à la méthylation du processus d'autocodage du transgène après avoir été insérés dans le noyau. Cette méthylation permettrait le maintien du système et le maintien du PTGS en stabilisant la structure de la chromatine favorable à la synthèse de ARN instables.

❖ L'intégration d'ARNdb par nanotechnologie

Les progrès récemment réalisés dans le domaine des nanotechnologies offrent de nouvelles possibilités pour la lutte contre les insectes. L'internalisation passive des nanoparticules dans les cellules végétales sans provoquer de mutations dans le génome hôte est à la base de la réussite de l'intégration de l'ARNdb et leur protection des nucléases présentes dans les cellules.

La Pulvérisation de biosurfactants microbiens rhamnolipide (RML) qui contient deux champignons entomopathogènes, *Cordyceps javanica* et *Beauveria bassiana*, s'est avérée être un moyen de lutte efficace induisant une forte mortalité chez les nymphes d'aleurodes (do Nascimento Silva et al. 2019).

Récemment, l'utilisation des nanomatériaux chargés des RNAdb de résistance nucléaire a été utilisée pour élucider le rôle de la résistance nucléaire dans la métamorphose des insectes. La résistance nucléaire joue un rôle important dans le contrôle de la signalisation hormonale essentielle à la formation des adultes. La modification de l'expression de ces gènes peut fournir les meilleures stratégies de contrôle des insectes (He et al., 2020). Des recherches récentes sur les nanoparticules de fer zéro-valent (ZVI) renfermant des *Cordyceps fumosorosea*, des champignons entomopathogènes (EPF), ont suggéré qu'elles pouvaient causer une pathogénicité élevée contre les insectes (He et al., 2020) et les nymphes de deuxième et troisième stade de *B. tabaci* (Wang et al., 2019). Les nanoparticules à base de champignons peuvent être la meilleure alternative aux insecticides. L'utilisation de biosurfactants et de nanoparticules peut améliorer l'efficacité de l'EPF le contrôle de l'aleurode.

❖ Manipulation du microbiome pour la gestion de *B.tabaci*

L'évolution des technologies omiques joue un rôle important dans l'identification du microbiome intestinal des insectes. Le microbiome est impératif pour fournir les nutriments essentiels aux cellules de l'hôte, et leur présence est cruciale pour la survie et le développement de l'insecte. L'aleurode héberge une série de symbiotes secondaires qui contribuent à sa survie

et qui constituent son microbiome. Le symbiote primaire *Portiera aleyrodidarum* de *B. tabaci*, transmis par verticalement, est essentiel pour la forme physique et la survie de l'hôte. Certains autres symbiotes secondaires tels que *Hamiltonella*, *Wolbachia*, *Arsenophonus*, *Hemipteriphilus*, *Rickettsia*, *Cardinium*, et *Fritchea* sont également nécessaires à l'adaptation de l'aleurode mais pas nécessaires à leur survie (Andreason et al., 2020). La figure 9 illustre les majeurs méthodes utilisées pour la gestion de la mouche blanche moyennant la manipulation du microbiome.

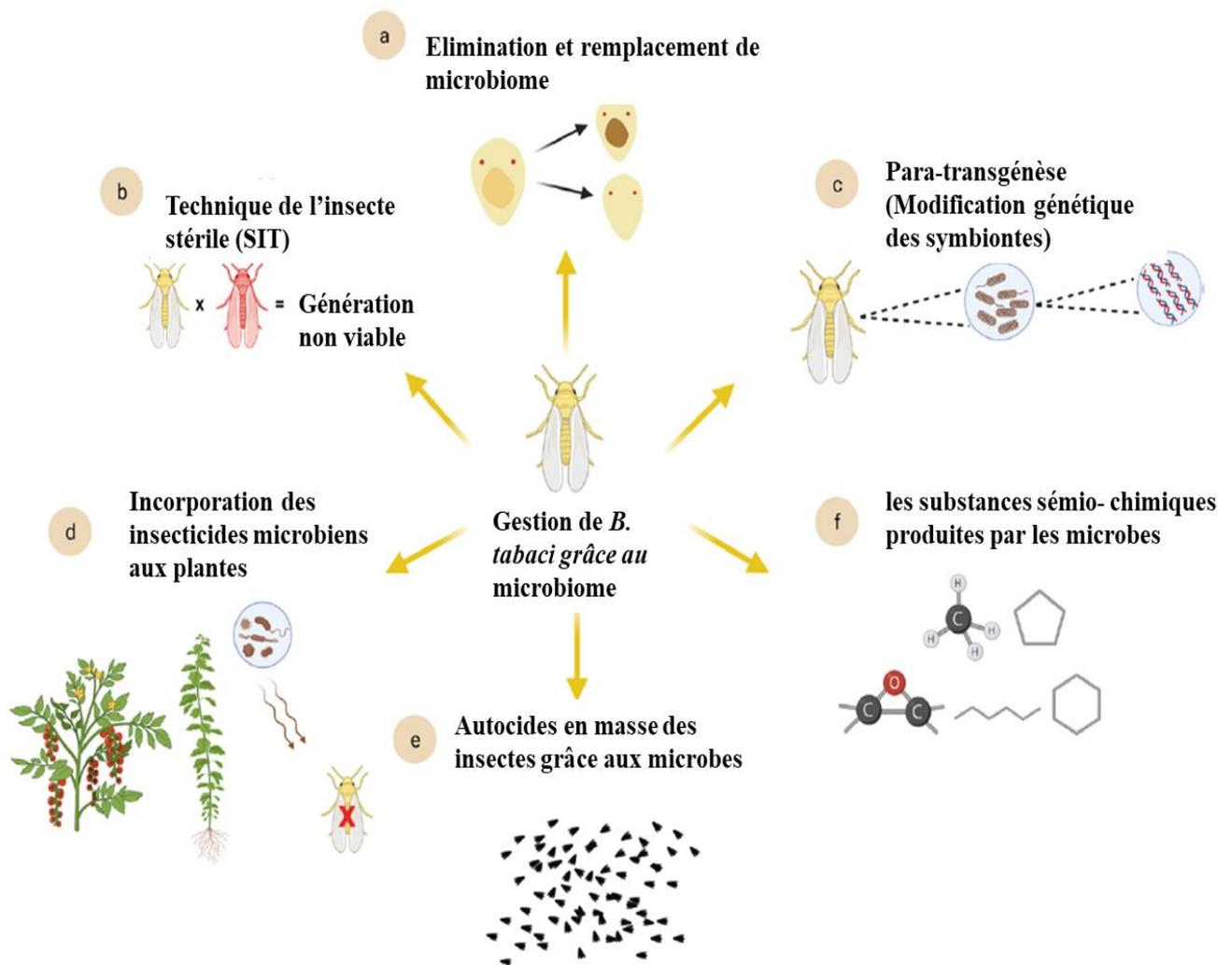


Figure 9 Schéma représentatif des approches de gestion de l'aleurode selon Mahmood et al., 2022

❖ Stratégie de control de *B. tabaci* en se basant sur le système CRISPR/Cas

La technologie CRISPR permet de modifier de façon spécifique la séquence des nucléotides d'un gène, ou d'un élément non codant (Akbari et al., 2015 ; Burt et Crisanti 2018).. Le système CRISPR/Cas9 utilise un ARN guide (ARNg) et une nucléase appelée Cas9 (CRISPR-associated protein 9) pour couper l'ADN et permettre l'édition du génome (Akbari et al., 2015 ; Burt et Crisanti 2018).

Récemment, la méthode de « ReMOT control » médiée par les récepteurs de cargo a été introduite chez *B. tabaci*. Dans cette technique, la protéine Cas9 fusionnée avec un ARN guide unique est directement injectée dans les ovaires de la femelle adulte pour l'édition génétique héréditaire de l'espèce (Heu et al., 2020). Cette méthodologie CRISPR/Cas9, utilisée chez l'aleurode pourrait permettre d'étudier sa biologie et à développer des stratégies de gestion (Figure 10).

Le système CRISPR/Cas9 basé sur les "gene drives" peut être utilisé pour créer des "gene drives". chez l'aleurode afin d'avoir des traits cibles (souhaités) parmi les populations. Chez *B. tabaci* le "gene drive" peut être conçu pour correspondre à un locus génomique particulier (par exemple, un gène spécifique au sexe de l'aleurode pour produire des traits dominants chez les mâles, entraînant une létalité spécifique chez les femelles. Une fois activé, il copiera la séquence homologue sur le chromosome homologue tout en créant une coupure double brin au niveau de l'ADN à cet endroit. Pendant le processus de réparation de la cassure, l'allèle du « gene drive » peut-être copié sur le chromosome homologue par le biais de la réparation dirigée par l'homologie (HDR), convertissant ainsi une cellule hétérozygote « gene drive » en une cellule homozygote. Lorsque cette mouche blanche génétiquement modifiée avec la construction "gene drive", est libérée dans un champ, elle s'accouple avec son homologue sauvage, produisant ainsi une descendance exclusivement mâle et si elle était relâchée en nombre suffisant, elle pourrait entraîner la diminution importante de la population d'aleurodes après quelques générations (Akbari et al., 2015 ; Burt et Crisanti 2018).

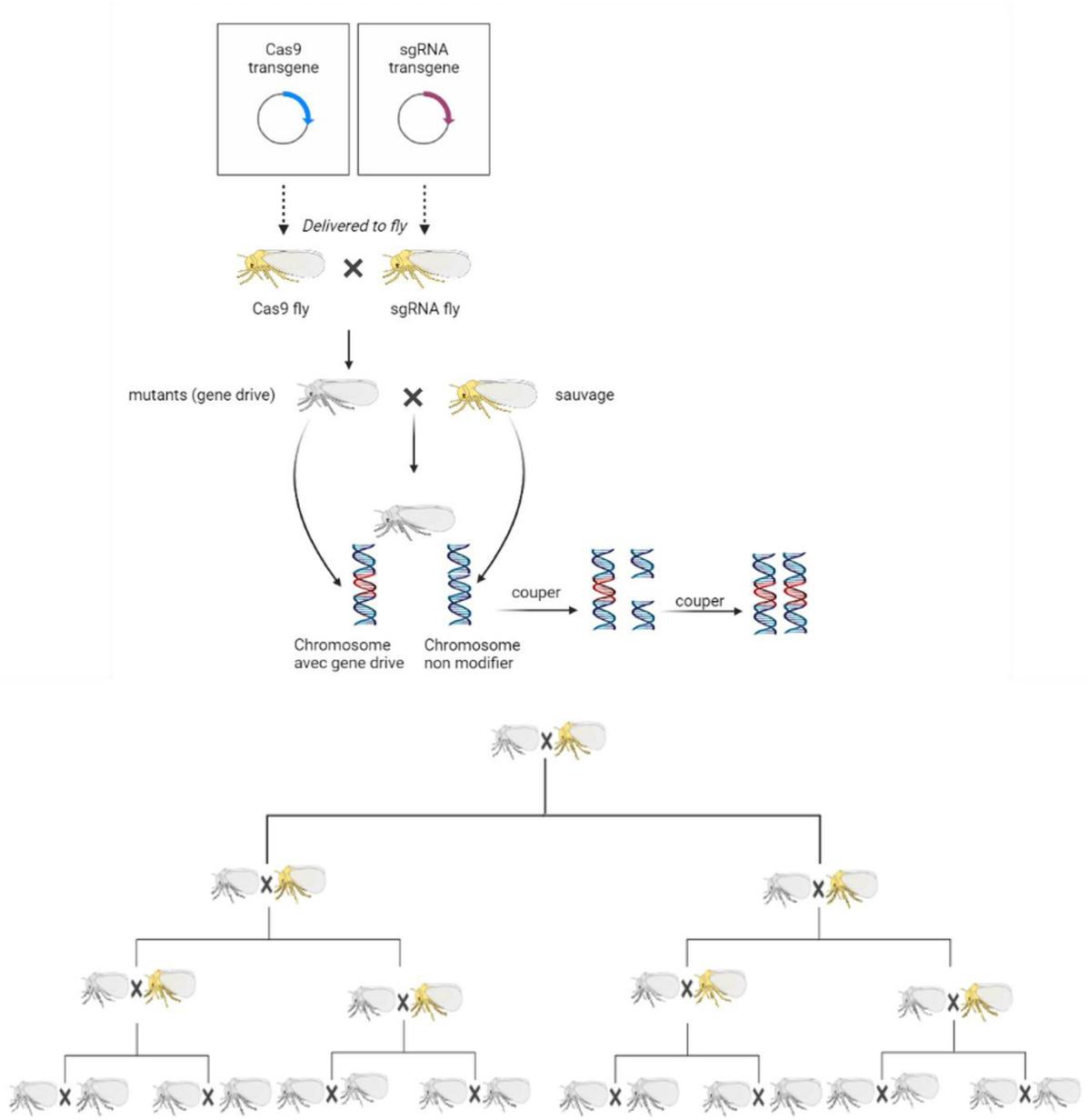


Figure 10 Schéma explicatif de l'effet du système CRISPR/Cas9 sur l'hérédité du gène modifié par le « gene drive ». Une fois que le gène modifié est actif à l'intérieur de la cellule Cas9, il génère une coupure et se copie sur le chromosome homologue, transformant ainsi les hétérozygotes en homozygotes et permettant la dissémination du gène modifié par le « gene drive » dans l'ensemble de la population d'insectes en quelques générations. La figure a été créée à l'aide de BioRender ([https:// biorender. com/](https://biorender.com/))

I-7 Projet génome de *Bemisia tabaci*

La taille du génome de *B. tabaci* a été estimée à 680-690 Mb par cytométrie en flux et est défini par 10 chromosomes distincts (Blackman et Cahill., 1998 ; Chen et al., 2015).

À partir de 2016 jusqu'à nos jours, trois génomes ont été séquencés par la technologie NGS Illumina (HiSeq) : i/ le premier est celui de référence *B. tabaci* Middle East-Asia Minor 1 (MEAM1) biotype B qui a généré une séquence de 615 Mb et contient 19751 scaffolds (N50 : 3 232 964) (Chen et al., 2016), ii/ le deuxième est celui de *B. tabaci* MED/Q biotype Q de 658 Mb et contient 4954 scaffolds (N50 : 436 791) (Zheng et al., 2017) et iii /le troisième est de *B. tabaci* Sub-Saharan Africa - East and Central Africa (SSA-ECA) de 513.7 Mb et contient 71,393 scaffolds (N50 : 497 000) (Chen et al., 2019). Les séquences de ces trois génomes sont disponibles dans la base de données de la mouche blanche du site whitefly genome DB (<http://www.whiteflygenomics.org/cgi-bin/bta/index.cgi>).

L'annotation du génome référence de *Bemisia tabaci* biotype B a montré 15 664 gènes parmi lesquels on cite 647 gènes de défense impliqués dans la résistance aux insecticides, dont 130 cytochromes P450 (CYP), 81 UDP-glucuronosyltransférases (UGT), 22 glutathion S-transférases (GST), 50 transporteurs ABC (ATP-Binding Cassette), 51 carboxylestérases (CCE), 202 protéines de liaison à la phosphatidyléthanolamine (PEBP), et 111 cathepsines (Chen et al., 2016).

Également, l'analyse comparative du génome de *B. tabaci* et de trois autres génomes d'hémiptères séquencés, le puceron vert du pois *Acyrtosiphon pisum*, la punaise hématophage *Rhodnius prolixus* et la cicadelle brune *Nilaparvata lugens*, a montré qu'ils ne présentaient pas de synténie significative (c'est-à-dire ces espèces n'ont pas conservé le même ordre des gènes) (Chen et al., 2016). Par ailleurs, l'analyse du génome de *B. tabaci* a révélé 142 gènes transmis horizontalement par des bactéries et des champignons. Il s'agit notamment de gènes codant la synthèse d'hopéanoïdes, de stérols, d'enzymes détoxifiantes xénobiotiques et de 20 gènes microbiens de peroxygénase aromatique (APO) introuvables chez d'autres insectes (Chen et al., 2016).

II- Les éléments transposables (ETs)

II-1 Présentation et impacts des ETs

II-1-1 Présentation des ETs

En 1951, Barbara McClintock a découvert les éléments *Ac* (activateur) et *Ds* (dissociateur) et elle les a attribués à l'origine de mutations réversibles conduisant à une instabilité génétique de la couleur des grains de maïs (Mcclintock 1950) (Figure 11). Ces éléments ont la capacité de s'insérer et de s'exciser dans différentes positions de génome et de modifier l'expression des gènes à leur proximité ce qui perturbe les fonctions des gènes en induisant des variabilités phénotypiques. En se référant à toutes ces capacités, McClintock les appela "éléments de contrôle". Ces découvertes qui ont révolutionné la notion de stabilité génomique et montré qu'il est en perpétuelle évolution, ont fait l'objet du prix Nobel en 1983 (Comfort 2001).

Par conséquence, les éléments transposables sont définis en tant que séquences d'ADN répétées et dispersées au sein de génome. Ces séquences peuvent se déplacer d'un site à un autre, et se répliquer de manière autonome ou non-autonome permettant ainsi d'occuper une partie importante de génome et d'induire une variabilité génomique. Bien que ces séquences mobiles aient longtemps été considérées comme « ADN égoïste », puisqu'ils utilisent le mécanisme d'hôte qui les héberge pour la répllication (Doolittle et Sapienza, 1980), ils ont de nombreux effets sur l'évolution et la diversité du génome qu'ils colonisent (Kazazian 2004; Platt et al., 2018).

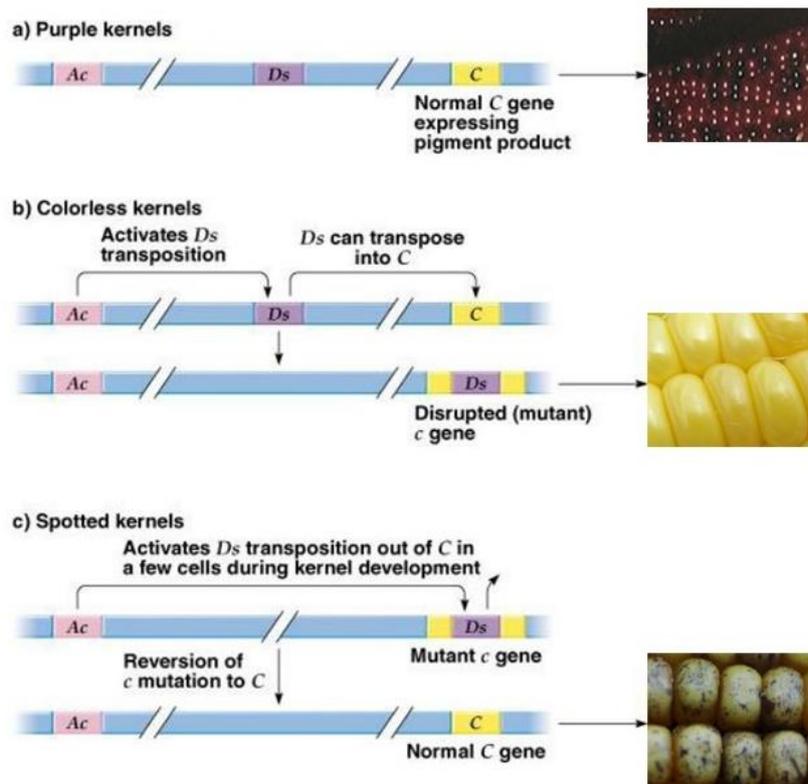


Figure 11 Les effets des éléments *Ac* et *Ds* sur la couleur des graines de maïs. L'élément activateur (*Ac*) contrôle la transposition de l'élément dissociateur (*Ds*) du chromosome 9 chez le maïs. Le mouvement de *Ds* s'accompagne d'une cassure du chromosome. Lorsque *Ds* se déplace, le gène qui contrôle la coloration des graines réduit son effet inhibiteur sur *Ds* et se convertit en une forme active qui permet la synthèse de pigment dans la cellule. La transposition des *Ds* se produit de manière aléatoire dans différentes cellules, il est possible qu'il se déplace dans certaines et d'autres non, provoquant la mosaïque de couleurs (McClintock 1950).

II-1-2 Impacts des ETs sur le génome

Les ETs disposent de plusieurs propriétés qui ont fait d'eux des acteurs clé de la plasticité et la dynamique du génome de leur hôte. Les impacts de ces éléments se centralisent majoritairement en quatre groupes différents (Figures 12 et 13).

- ❖ **La modification de l'architecture du génome :** les ETs sont la source de divers remaniements chromosomiques suite à la recombinaison ectopique entre régions homologues des copies d'ETs. Plusieurs études ont démontré l'impact de ce brassage sur l'évolution des génomes de végétaux et d'animaux (Grégory et al., 2008 ; Kapusta et al., 2017 ; Pellicer et al., 2014 ; Thybert et al., 2018). Étant donné que l'insertion et la suppression des ETs sont souvent imprécises, ces processus peuvent affecter indirectement les séquences hôtes environnantes. Certains de ces événements se

produisent à une fréquence suffisamment élevée pour entraîner une multitude de duplication et de remaniements des séquences génomique, y compris les gènes et les séquences régulatrices. Par exemple, un seul groupe de transposons d'ADN appelé MULES est responsable du remaniement d'environ 1000 fragments de gènes dans le génome du riz (Jiang et al., 2004). La vitesse de transposition des TEs, qui est en partie sous le contrôle de l'hôte, est un moteur important de l'évolution du génome (Cordaux et al., 2009 ; Bennetzen et al., 2014 ; Freeling et al., 2015). En outre, les ETs peuvent aussi favoriser la variation de la structure génomique même après avoir perdu leur capacité de déplacement (Carvalho et al., 2016). Des événements de recombinaison peuvent en particulier se produire entre les régions hautement homologues dispersées par des ETs d'une même famille à des positions génomiques éloignées et entraîner des délétions, des duplications et des inversions (Bennetzen et al., 2014).

- ❖ **Source d'innovation génomique :** les ETs sont considérés comme des séquences innovatrices puisqu'ils peuvent fournir au génome de l'hôte de nouvelles informations génétiques correspondant à des régions régulatrices, notamment les promoteurs et les sites d'épissage. Par ailleurs, plusieurs études ont montré que certaines ETs sont associés à des fragments de gènes contribuant ainsi à la formation de nouvelles combinaisons d'exons (Bennetzen et al., 2005). En fait, ce mécanisme, qui permet d'apporter de nouvelles fonctions aux gènes, est appelé "brassage d'exons". Ceci est en effet observé chez de nombreuses espèces, par exemple chez le maïs des segments d'ADN définis par une structure typique des transposons non-autonomes de type hélitron contenaient de multiples fragments provenant de gènes. Certaines de ces combinaisons ont abouti à des transcrits contenant des segments de différents gènes, ce qui appuie l'idée que ces événements de transposition jouent un rôle dans le déplacement des exon et l'évolution de nouvelles protéines (Morgante et al., 2005). En 2018, Rubio-Cosials et son équipe ont montré que l'activité du transposon bactérien Tn1549 a permis la propagation de gènes de résistance aux antibiotiques chez les bactéries.
- ❖ **Modulateurs de la fonction des gènes :** les ETs peuvent jouer un rôle dans la régulation de l'expression des gènes en fonction de leur site d'insertion. En fait, lorsque un ET est inséré proche d'un gène il peut moduler son expression en agissant sur ses régions régulatrices. Également, lorsque un ET est inséré au niveau des régions régulatrices de gènes tels que les enhanceurs, silenciers, promoteurs, *etc*, il peut contrôler le niveau d'expression de gène apparenté voire l'interrompre. En outre, l'insertion d'ET au niveau d'un l'exon peut induire une perte de fonction génique, à cause des mutations délétères

ou des délétions d'exons qu'il peut provoquer, tandis que les insertions au niveau des introns peuvent avoir des effets sur l'épissage des gènes. Plusieurs exemples de régulation d'expression de gène sous le contrôle des ETs ont été décrits. Citant l'exemple de l'insertion de l'élément *Doc* dans le deuxième exon du gène CG10618 appelé *CHKov1* responsable de la résistance aux organophosphates (Aminetzach et al., 2005). Plus récemment, chez *Drosophila melanogaster* plusieurs insertions d'ETs à proximité de gènes liés à la résistance aux xénobiotiques et au stress oxydatif ont été reportés (Salces-Ortiz et al., 2020).

- ❖ **Exaptation du gène ET « domestication »** : plusieurs preuves ont montré que les insertions des ETs peuvent être à l'origine de l'émergence de gènes codant des protéines et d'ARNs non codant, capable d'assumer une fonction cellulaire importante, dans certains cas, essentielle (Jurka et al., 2007 ; Naville et al., 2016 ; Joly-Lopez et al., 2018). Ce processus d'exaptation du gène d'ET est appelé « domestication ». Le plus souvent, c'est le rôle ancestral (parfois un peu modifié) d'un gène codé par un ET qui est exploité par l'hôte et conservé, tandis que le reste de la séquence d'ET, qui lui confère sa capacité à se transposer de manière autonome est perdu. Des exemples spectaculaires de gènes profondément conservés dérivés des ETs ont été évoqués tels que les gènes *Rag1* et *Rag2*, qui catalysent la recombinaison somatique V(D)J dans le système immunitaire des vertébrés. Les deux gènes, sont des dérivés d'un transposon à ADN ancestral, il y a environ 500 millions d'années (Kapitonov et al., 2015 ; Huang et al., 2016). Citons aussi l'exemple des gènes *gag* et *env* des rétrotransposons LTR qui ont été également domestiqués à de nombreuses reprises pour remplir ou contribuer à des fonctions diverses telles que le développement placentaire, la défense de l'hôte contre les rétrovirus exogènes et le développement du cerveau, etc (Naville et al., 2016 ; Frank et al., 2017). Un autre exemple de domestication est fourni par le gène neuronal *Arc*, qui est issu du gène *gag* d'un rétrotransposon LTR domestiqué chez l'ancêtre commun des tétrapodes (Pastuzyn et al. 2018). Les activités biochimiques des protéines dérivées des ETs ont été cooptées à plusieurs reprises au cours de l'évolution pour favoriser l'émergence d'innovations cellulaires d'organismes différents.

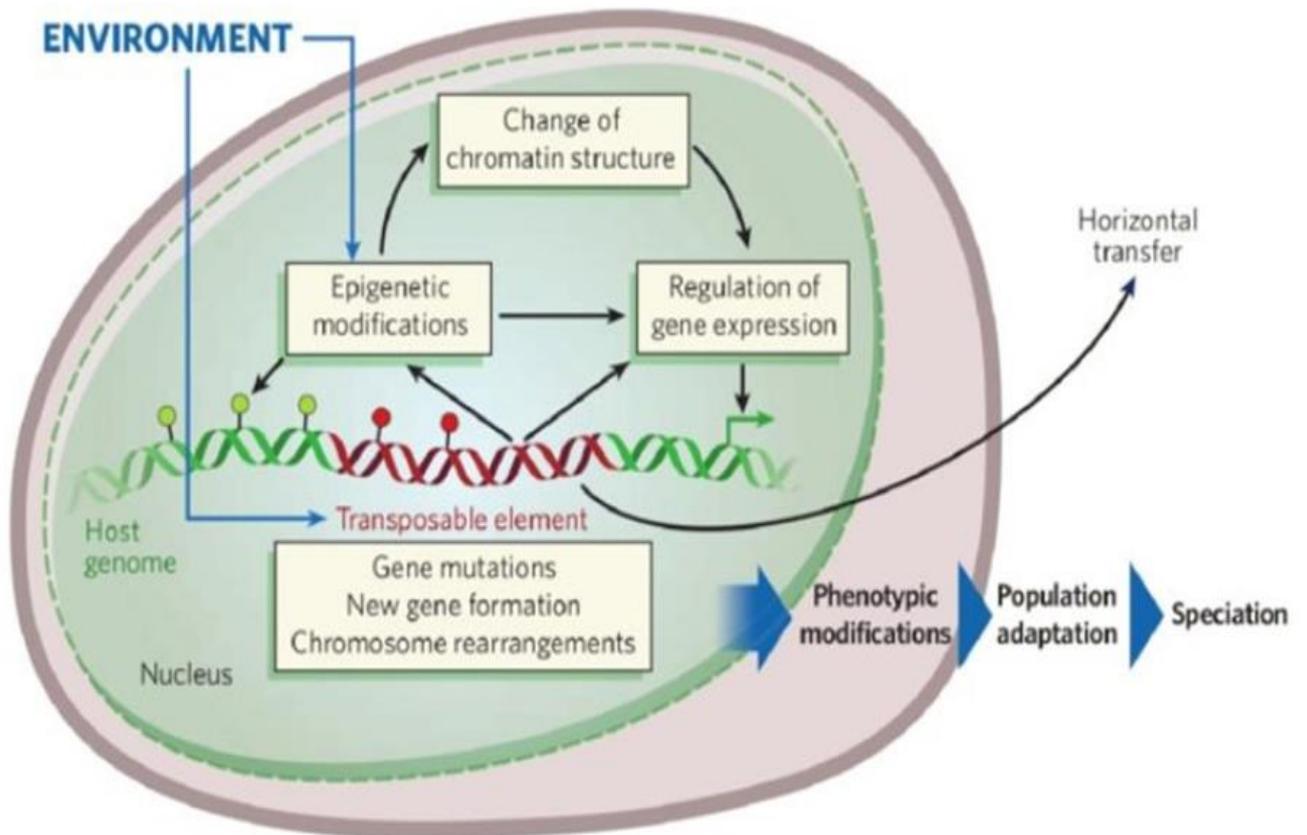


Figure 12 Les différents niveaux d'utilisation des ETs par le génome. Sous l'action de l'environnement, les éléments transposables peuvent entraîner des modifications structurales et fonctionnelles dans le génome hôte. Les mutations sont généralement responsables de modifications phénotypiques, de changement aboutissant à l'adaptation potentiel de l'organisme qui peut mener à la spéciation. Les éléments transposables peuvent échapper aux mécanismes de régulation de l'hôte en se déplaçant vers les génomes d'autres organismes par transfert horizontal (Biémont et Vieira, 2006).

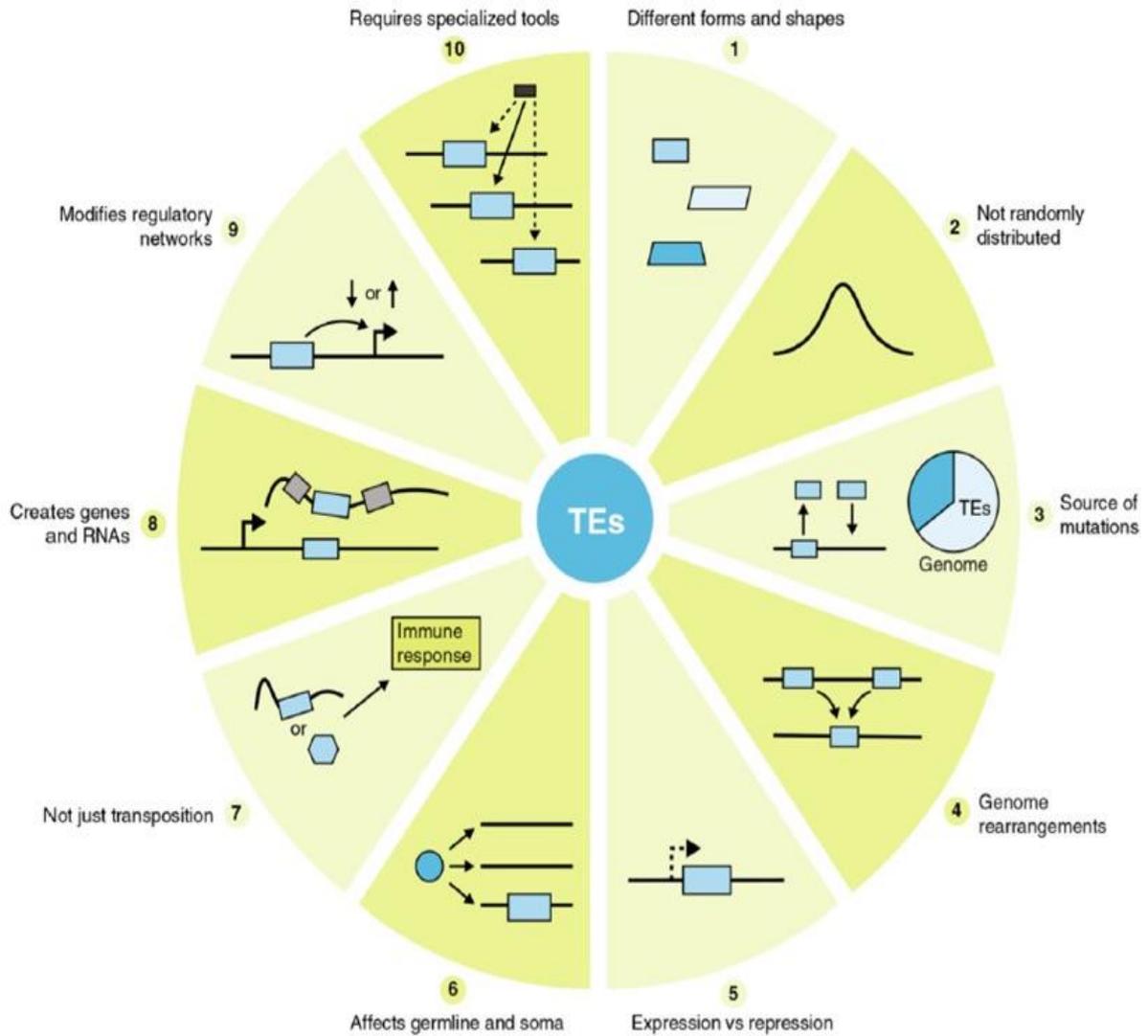


Figure 13 Exemples d'impacts des ETs sur les génomes. Les rectangles bleus représentent les ETs, les rectangles gris représentent les exons et la case noire représente une lecture de séquençage. Les flèches à angle droit représentent les promoteurs de gènes ou de l'ET.

II-2 Cycle de vie des ETs

Le cycle de vie que suit un ET lors de son évolution comporte trois phases principales (Figure 14) :

- ❖ **La phase d'invasion** se manifeste par l'introduction d'un ET actif et autonome, suite à un transfert vertical ou horizontal dans le génome hôte, permettant l'augmentation exponentielle du nombre de copies au cours du temps selon deux modes soit le mode d'expansion instantanée dans ce cas l'ET est dupliqué plusieurs fois dans un temps très

court soit selon le mode d'expansion lente où l'ET est dupliqué plusieurs fois dans une durée plus importante (Kidwell et Lisch 2001 ; Eickbush et al., 2002).

- ❖ **La phase de maturité** est caractérisée par un équilibre entre la multiplication et la perte des copies dû à l'augmentation de taux de mutations qui va réduire la prolifération des éléments. Durant cette phase, deux mécanismes de régulation des ETs se mettent en place :

Le premier est le mécanisme d'autorégulation qui permet d'inhiber le mécanisme de transposition suite à une forte production d'oligomères de transposase. Ce phénomène est connu sous le nom d'OPI (Over Production Inhibition) (Zhang et al., 2001 ; Kidwell et Lisch, 2001). Le deuxième est le mécanisme épi génétique qui permet de réprimer la transcription par méthylation de l'ADN et/ou d'inhiber la traduction par le phénomène de régulation post-transcriptionnelle (PTGS) à l'aide des piwi et microARN (Tchurikov et al., 2011).

- ❖ **La phase de sénescence** cette phase peut durer des millions d'années et se distingue par une diminution importante du nombre de copies des ETs envahissants jusqu'à leur perte totale moyennant deux mécanismes de sénescence (Kidwell et Lisch 2001) :

Le mécanisme de la perte stochastique qui se manifeste par une délétion des fragments d'ADN entraînant l'élimination d'ET, et l'inactivation verticale qui correspond à un processus d'accumulation de mutations par substitutions ou insertions et/ou délétions provoquant la perte de fonctionnalité des ETs ainsi que leur perte totale (Kidwell Lisch, 2001).

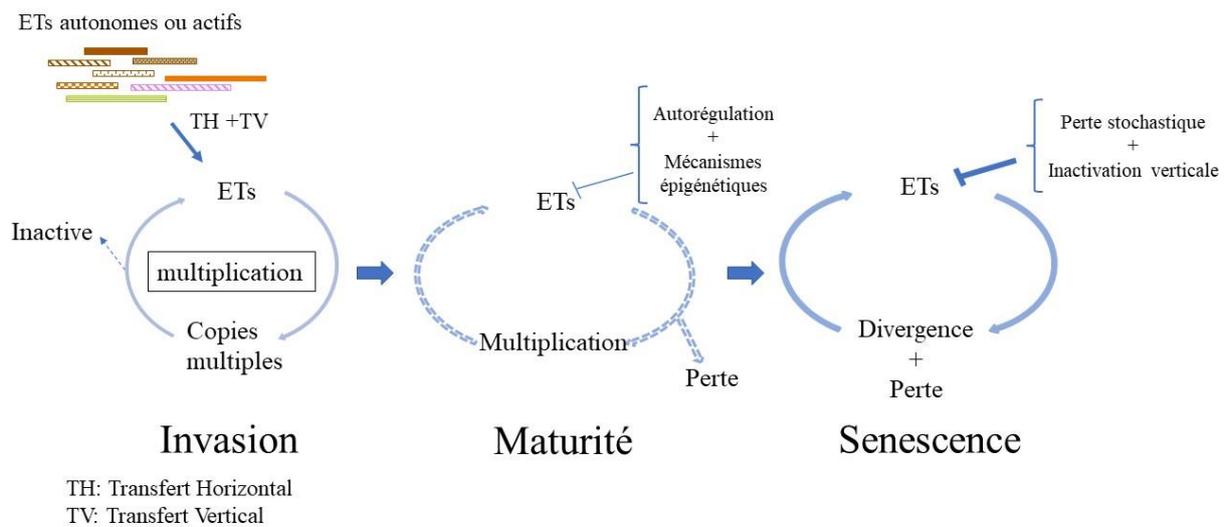


Figure 14 Schéma explicatif du cycle de vie des ETs selon les trois phases observables (d'après Kidwell et Lisch, 2001).

II-3 Classification des ETs chez les eucaryotes

Le premier système de classification des ETs a été proposé par Finnegan en 1989. Ce système a permis de distinguer deux classes des ETs en se basant sur leur intermédiaire de transposition qui peut être soit de type ARN (ETs appartenant à la classe I ou rétrotransposons) ou de type ADN (ETs appartenant à la classe II ou transposons d'ADN). Le mécanisme de transposition de la classe I est communément appelé "copier-coller" et celui de la classe II, "couper et coller" (Figure 15).

Divers autres systèmes de classification des ETs ont été proposés, à savoir la classification de Wicker et al., en 2007, qui retient les deux principales classes proposées par Finnegan (1989) ainsi que d'autres caractéristiques telles que la taille des éléments, leurs domaines fonctionnels et sites d'insertion. Cette classification permet d'organiser les ETs de manière hiérarchique en sous-classes, ordres, superfamilles et familles. D'autres systèmes qui prennent en compte les propriétés enzymatiques et biochimiques des séquences ont été décrits (Curcio et Derbyshire, 2003 ; Kapitonov et Jurka 2008 ; Piégu et al., 2015 ; Hoen et al., 2015). Dans ce manuscrit, nous utiliserons la classification proposée par Wicker et al. (2007) (Figure 16).

Les ETs peuvent également être classés selon leur capacité ou non à se déplacer de manière autonome. Les éléments autonomes intègrent des ORFs (Open Reading Frame ou

Cadre de Lecture ouvert) qui codent la machinerie enzymatique nécessaire à leur propre transposition. Les éléments non autonomes sont généralement non codants mais capables de se mobiliser en trans en détournant la machinerie produite par leurs homologues autonomes. Il existe des familles composées entièrement d'éléments non-autonomes tels que les Miniature Inverted repeat Transposable Elements (MITEs), les Short INterspersed Element (SINE), les Terminal Repeat retrotransposons In Miniature (TRIM) et les Large Retrotransposon Derivative (LARD) (Wicker et al., 2007 ; Makalowski et al., 2019) (Figure 17).

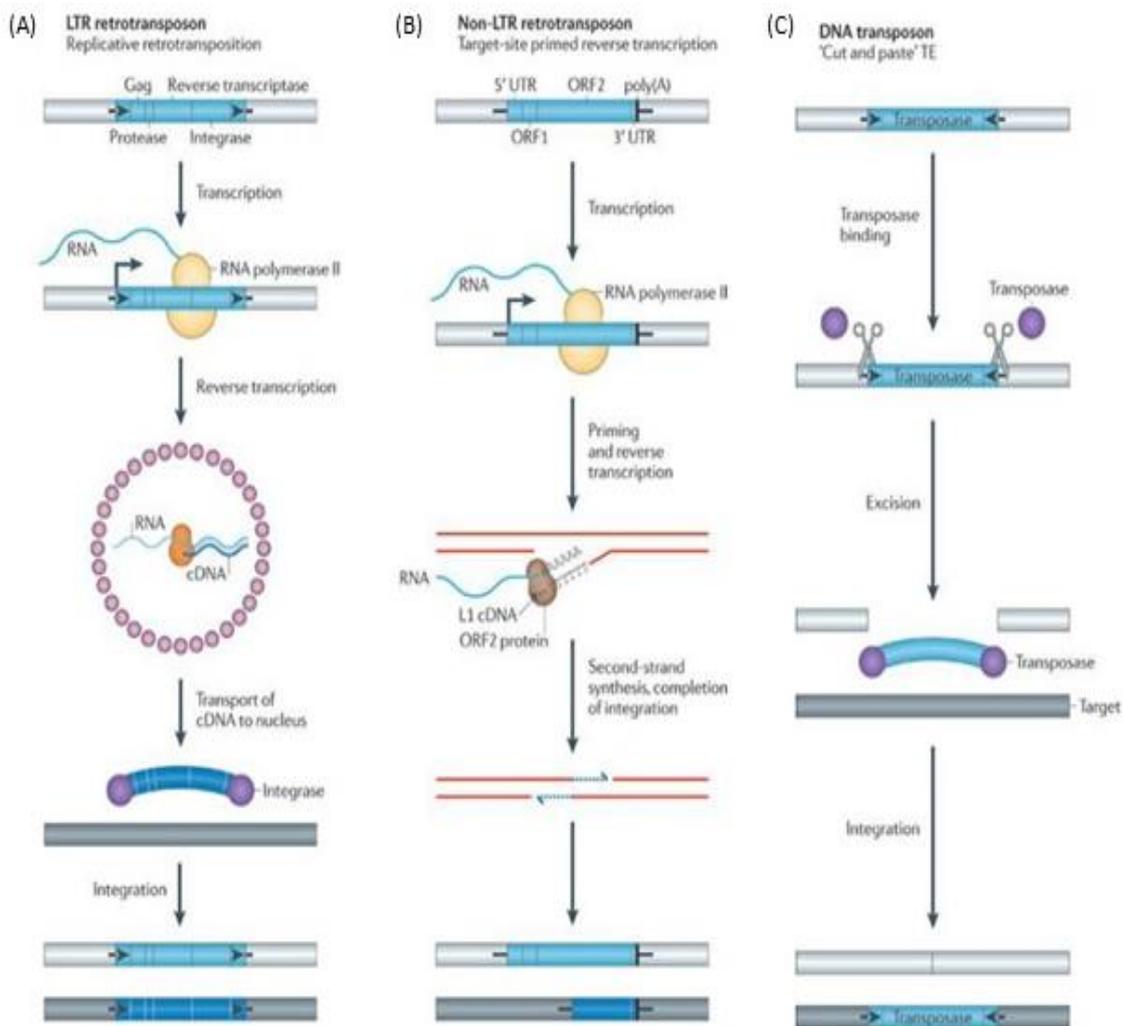


Figure 15 Mécanismes de transposition des éléments transposables de la Classe I (A et B) et de la Classe II (C) (Levin et Moran, 2011). Attention majuscules ou minuscules pour les réf de même pour deux noms soit tu mets « and » soit tu mets « & » choisir et faire la même chose dans tout le texte

Classification	Structure	TSD	Code	Occurrence
Class I (retrotransposons)				
Order LTR				
Superfamily <i>Copia</i>		4-6	RLC	PMFO
Superfamily <i>Gypsy</i>		4-6	RLG	PMFO
Superfamily <i>Bel/Pao</i>		4-6	RLB	M
Superfamily <i>Retrovirus</i>		4-6	RLR	M
Superfamily <i>ERV</i>		4-6	RLE	M
Order DIRS				
Superfamily <i>DIRS</i>		0	RYD	PMFO
Superfamily <i>Ngaro</i>		0	RYN	MF
Superfamily <i>VIPER</i>		0	RYV	O
Order PLE				
Superfamily <i>Penelope</i>		variable	RPP	PMFO
Order LINE				
Superfamily <i>R2</i>		variable	RIR	M
Superfamily <i>RTE</i>		variable	RIT	M
Superfamily <i>Jockey</i>		variable	RIJ	M
Superfamily <i>L1</i>		variable	RIL	PMFO
Superfamily <i>I</i>		variable	RII	PMF
Order SINE				
Superfamily <i>tRNA</i>		variable	RST	PMF
Superfamily <i>7SL</i>		variable	RSL	PMF
Superfamily <i>5S</i>		variable	RSS	MO
Class II (DNA transposons)				
Subclass 1				
Order TIR				
Superfamily <i>Tc1/Mariner</i>		TA	DTT	PMFO
Superfamily <i>hAT</i>		8	DTA	PMFO
Superfamily <i>Mutator</i>		9-11	DTM	PMFO
Superfamily <i>Merlin</i>		8-9	DTE	MO
Superfamily <i>Transib</i>		5	DTR	MF
Superfamily <i>P</i>		8	DTP	PM
Superfamily <i>PiggyBac</i>		TTAA	DTB	MO
Superfamily <i>PIF/Harbinger</i>		3	DTH	PMFO
Superfamily <i>CACTA</i>		2-3	DTC	PMF
Order Crypton				
Superfamily <i>Crypton</i>		0	DYC	F
Subclass 2				
Order Helitron				
Superfamily <i>Helitron</i>		0	DHH	PMF
Order Maverick				
Superfamily <i>Maverick</i>		6	DMM	MFO

Protein Domains	
<i>APE</i>	Apurinic endonuclease
<i>ATP</i>	Packaging ATPase
<i>C-INT</i>	C-integrase
<i>CYP</i>	Cystein protease
<i>DDE</i>	DDE transposase
<i>EN</i>	Endonuclease
<i>env</i>	Envelope protein
<i>gag</i>	Capsid protein
<i>HEL</i>	Helicase
<i>INT</i>	Integrase
<i>ORF</i>	Open reading frame of unknown function
<i>Pol B</i>	DNA polymerase B
<i>RH</i>	RNase H
<i>RPA</i>	Replication protein A (found only in plants)
<i>RT</i>	Reverse transcriptase
<i>Tase</i>	Transposase
<i>YR</i>	Tyrosine recombinase
<i>Y2</i>	YR with YY motif

Species groups	
M	Metazoans
P	Plants
F	Fungi
O	Others

Structural features	
	Long terminal repeat
	Terminal inverted repeat
	Coding region
	Non-coding region
	Diagnostic feature in non-coding region
	Region that can contain one or more additional ORFs

Figure 16 Système de classification des ETs proposé par Wicker et al. (2007). Figure modifiée d'après Wicker et al. (2007)

Class I transposable elements or Retrotransposons

LTR Retrotransposons

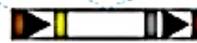
Ty-1- Autonomous Transposable Elements (aTEs)

Type-1 (Ty-1) – Copia



- Miniature Transposable Elements (mTEs)

TRIM



Ty-3- Autonomous Transposable Elements (aTEs)

Type-3 (Ty-3) – Gypsy



- non-Autonomous Transposable Elements (nTEs)

LARD



Non-LTR Retrotransposons

LINE- Autonomous Transposable Elements (aTEs)

LINE



- Miniature Transposable Elements (mTEs)

SINE



Class II transposable elements or DNA transposons

DNA transposons

Tc1- Autonomous Transposable Elements (aTEs)

PIF/ Harbinger Superfamily
(Ping family)



- Miniature Transposable Elements (mTEs)

MITE-Tourist superfamily
mPing family

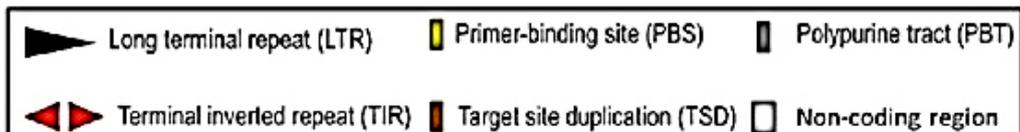


Figure 17 Illustration de la relation entre les éléments autonomes et les éléments non autonomes (TRIM, LARD, SINE et MITE).

II-3-1 Les éléments de la Classe I : les rétrotransposons

Les ETs de la classe I transposent par un intermédiaire ARN (Figure 17). L'intermédiaire ARN est transcrit à partir de l'ADN génomique, puis rétro transcrit en ADNc par une transcriptase reverse (TR) codée par l'ET. Cette étape est suivie par la réintégration de la nouvelle copie de l'ET dans le génome. En effet, les éléments de classe I sont les principaux contributeurs à la fraction répétitive dans les génomes (SanMiguel et al., 1996). Les

rétrotransposons sont divisés en cinq ordres selon l'organisation et la phylogénie de la transcriptase inverse de ces éléments : les Long Terminal Repeat (LTR), les Dictyostelium Intermediate Repeat Sequence (DIRS), les éléments Penelope (PLEs), les Long Interspersed Nuclear Elements (LINEs), et les SINE.

- ❖ **L'ordre des LTR** est caractérisé par la présence de longues terminaisons répétées (LTR) allant de plusieurs centaines à plusieurs milliers de paires de bases. Les rétrovirus exogènes et les rétrotransposons LTR contiennent tous les deux un gène *gag* qui code la capsid (protéine virale) et la nucléocapside, un gène *pol* qui code une TR, une ribonucléase H et une intégrase (INT), qui permettent la transcription reverse et l'intégration de l'ET dans le génome de l'hôte. Ce processus se déroule en plusieurs étapes (Hughes, 2015). Cet ordre est subdivisé en sept superfamilles : *Copia*, *Gypsy*, *Bel-Pao*, *Retrovirus* et *ERV* qui se distinguent par la position et le nombre des ORFs, ainsi que les deux superfamilles des non-autonomes les *TRIMs* (Witte et al. 2001) et les *LARDs* (Kalendar et al. 2004).
- ❖ **L'ordre des DIRS** regroupe des ETs divergents structurellement, possédant un gène *gag*, un gène *pol*, une ribonucléase H comme les LTR et une tyrosine recombinase (YR) au lieu du gène de l'INT et ne forment pas des Target Site Duplication (TSD). Leurs extrémités ressemblent soit à des répétitions directes fractionnées appelé Split Direct Repeats (SDR), soit à des répétitions inversées. Les DIRS ont été découverts dans le génome de l'amibe *Dictyostelium discoideum* au début des années 1980 (Zuker et Lodish, 1981) et ils sont présents dans toutes les grandes lignées phylogénétiques (Goodwin et Poulter, 2001). L'ordre des DIRs comprend 3 superfamilles : les PATs, les Ngaro et les Viper.
- ❖ **L'ordre des PLE** comprend des éléments qui ont une large distribution chez les champignons, les protozoaires, les reptiles et les amphibiens pouvant atteindre des milliers de copies par génome (Evgen'ev et Arkhipova, 2005), en revanche, aucune séquence PLE n'a été trouvée dans les génomes de mammifères (Arkhipova 2006). Ces éléments ont été décrits pour la première fois chez *Drosophila virilis* en provoquant le syndrome de dysgénésie hybride caractérisé par mobilisation simultanée de plusieurs familles ETs non apparentées dans la progéniture. Les séquences de PLE renferment un seul ORF codant une POL qui contient deux domaines protéiques : une endonucléase

(EN) permettant l'intégration de l'élément et une transcriptase reverse (TR) (Arkhipova 2006), ces derniers, sont flanqués par des séquences répétées (Evgen'ev and Arkhipova 2005; Arkhipova 2006).

- ❖ **L'ordre des LINEs** englobe des éléments dépourvus de LTR, d'où leur second nom « non LTR ». Par ailleurs, ils possèdent une queue polyA à leur extrémité 3' qui les distingue des autres rétrotransposons (Singer 1982a ; Singer 1982b). Les LINEs possèdent un ou deux ORF, L'ORF1 code une protéine de liaison à l'ARN non-spécifique de la séquence, qui contient des motifs de doigt de zinc, de glissière à leucine et de superhélice (coiled coil). La protéine issue de l'ORF1 fonctionne comme une protéine chaperon pour l'ARNm (Martin et al., 2005 ; Martin 2006 ; Martin 2010). Le deuxième ORF code une endonucléase, qui fait une entaille simple brin dans l'ADN génomique, et une transcriptase inverse (Kapitonov et Jurka 2003). Cet ordre est formé de cinq superfamilles majeures : les *Jockey* et *R2*, les *L1* qui sont les éléments les plus abondants et les mieux décrits, les éléments *I* et les *RTEs* (Kapitonov and Jurka 2003 ; Belancio et al., 2009 ; Scavariello et al., 2017).
- ❖ **L'ordre des SINEs** contient des éléments qui ont évolué à partir de gènes des ARN, tels que les gènes 7SL et des ARNt (Singer 1982a ; Singer 1982b). Par définition, ils sont courts et peuvent atteindre jusqu'à 1000 pb. Ils ne codent pas leur propre machinerie de rétrotranscription et sont considérés comme des éléments non-autonomes et dans la plupart des cas, ils sont mobilisés par la machinerie des LINE L1 (Kajikawa et Okada 2002).

II-3-2 Les éléments de la Classe II : Les transposons à ADN

Les éléments de la classe II se déplacent par un mécanisme conservateur « couper-coller », l'excision de l'élément donneur est suivie par sa réinsertion au niveau d'un autre site dans le génome. Wicker et al. ont distingué deux sous-classes de transposons d'ADN sur la base du nombre de brins d'ADN.

II-3-2-1 La sous classe 1

Les transposons classiques de type « couper-coller » appartiennent à la sous-classe I et sont classés dans deux ordres ; l'ordre des TIR et l'ordre des Crypton. Les éléments du premier ordre (TIR) sont caractérisés par des terminaisons répétitions inversées (TIR) et codent une transposase qui assure la mobilité. Lorsqu'un transposon est inséré à un nouvel endroit, il provoque la duplication de la séquence du site cible appelé Target Site Duplication (TSD), le

motif et la longueur de ces TSD sont caractéristique chez certains transposons. L'ordre des TIR compte neuf superfamilles majeures citant les *Tc1-Mariner*, *hAT*, *Mutator*, *Merlin*, *Transib*, *P*, *PiggyBac*, *PIF-Harbinger* et *CACTA*. Le deuxième ordre des Crypton est constitué d'une seule superfamille du même nom. Ces éléments ont été limités aux champignons (Goodwin et al., 2003), désormais à nos jours, il est clair qu'ils ont une large distribution (Kojima et Jurka 2011).

- ❖ **La superfamille des *hAT*** Les éléments hAT sont d'origine ancienne et ils sont répandus dans le règne végétal et animal et se trouvent chez tous les eucaryotes à l'exception des ciliés, des diatomées, et du protozoaire *Trichomonas* (Feschotte et Pritham 2007). Ces éléments ont généralement une taille inférieure à 5 kb et des TIR variant de 5 à 27 pb. L'intégration d'un hAT au niveau d'un site cible, engendre des duplications de 8 pb c'est les TSD. (Coen et al., 1989 ; Atkinson et al., 1993).
- ❖ **La superfamille des *Mutator*** (MULEs ou MuDR) contient des ETs qui sont parmi les transposons les plus mutagènes, en raison de leur taux de transposition très élevé et de leur tendance à s'insérer près ou à proximité des gènes (Cresse et al., 1995 ; Lisch 2015). Ces éléments renferment des TIR qui flanquent le domaine transposase. En fait, les TIR des MULEs sont généralement beaucoup plus longs que ceux présents dans les autres superfamilles de l'ordre des TIR. Ces derniers peuvent atteindre des centaines de paires de bases. Par ailleurs, certaines familles de MULE semblent ne pas avoir de TIR du tout (MULE sans TIR) (Feschotte et Pritham 2007). Une autre caractéristique des MULE est la longueur de leurs duplications de sites cibles (TSD), qui sont de courtes répétitions directes créées à la suite d'une transposition, qui se produisent immédiatement à l'extérieur des TIR et sont de 8 à 11 pb (Le et al., 2001).
- ❖ **La superfamille des *Merlin*** Ces éléments ont été découverts chez les animaux et peuvent être associés à l'ET bactérien IS1016, c'est pour cette raison qu'ils sont appelés Merlin/IS1016. Certains Merlin sont autonomes puisqu'ils renferment des ORF complètes et codent des transposases actives. Les TIR de ces éléments peuvent atteindre des centaines de paires de bases et sont flanqués par des TSD de 8 à 9 bp. Ces éléments peuvent avoir une taille de 10 kb, tandis que la longueur de la séquence des Merlin défectueux peut être réduite pour atteindre 200 à 400 pb chez *C. elegans* et le poisson zèbre (Feschotte 2004 ; Wicker et al. 2007).
- ❖ **La superfamille des *Transib*** Les *Transib* sont des éléments reconstruits in silico à partir des ETs fossiles dans les génomes de *Drosophila melanogaster* et *Anopheles*

gambiae (Kapitonov et Jurka, 2003). Ces transposons, reconstruits ont une taille de 3 à 4 kb et renferment des TIR de 9 à 60 pb flanqués par des TSD de 5 pb riches en GC (Kapitonov et Jurka, 2003, Kapitonov et Jurka, 2005, Feschotte et Pritham, 2007). Les transposases des Transib putatives ont une longueur d'environ 595 à 708 acides aminés et ne partagent aucune similarité avec les autres transposases (Agrawal et al., 1998, Messier et al., 2003; Sakano et al., 1979, Thompson, 1995).

- ❖ **La superfamille des *P*** contient des éléments P qui ont été décrits pour la première fois chez *D. melanogaster* comme étant l'agent causal de la dysgénèse hybride (Kimura et Kidwell, 1994). Différentes preuves montrent que les éléments P ont été transférés horizontalement à partir du génome de *Drosophila willistoni*, puis ils ont envahi le génome de *D. melanogaster* au cours de la dernière moitié du 20^e siècle (Kapitonov et Jurka, 2003). Il existe des éléments P autonomes appelés FP et des éléments tronqués non-autonomes appelés KP (Black et al., 1987). Leur taille varie de 0,5 à 2,9 kb avec un TTR de 31 pb (O'hare et Rubin 1983 ; Lee et al. 1998). Les transposases de l'élément P sont de 87 KDa et contiennent un domaine de liaison à l'ADN appelé THAP (Rio et al 1986 ; Kaufman et al 1989).
- ❖ **La superfamille des *piggyBac*** Le premier transposon piggyBac a été isolé à partir du génome de la fausse-arpenreuse du chou *Trichoplusia ni* en 1980. Cependant, le deuxième membre de la superfamille des éléments de type piggyBac n'a été identifié qu'en 2000. L'élément piggyBac complet est de 2475 bp avec des TIR de 13 bp qui encadrent un ORF de 1,8 kb codant une transposase de 594 aa (Cary et al. 1989 ; Yusa 2015). Lorsqu'un élément de cette superfamille est intégré au niveau d'un site cible, il engendre une duplication du motif TTAA (Sarkar et al., 2003) pour son intégration.
- ❖ **La superfamille des *Tc1-mariner*** Cette superfamille renferme deux familles majeures notamment les Tc1-Like elements ou TLEs décrits pour la première fois chez *Caenorhabditis elegans* (Emmons et al., 1983) et les Mariner-Like Elements ou MLEs décrits pour la première fois chez *Drosophila mauritiana* (Jacobson et al., 1986). Les MLEs sont classées au moins en cinq sous familles majeures selon la similarité entre les séquences et les relations phylogénétiques : *mauritiana*, *irritans*, *mellifera*, *cecropia* et *elegans* (Robertson, 1993). En outre, huit sous-familles mineures avec une distribution limitée ont été également décrites, parmi lesquelles quatre ont été bien décrites, à savoir *vertumnana*, *lineata*, *mosellana*, et *drosophila*, tandis que les quatre autres ne sont

toujours pas bien définies (Robertson 2002 ; Rouault et al. 2009 ; Filée et al. 2015 ; Grace et Carr 2020 ; Dupeyron et al. 2020).

Caractéristiques de la famille des MLEs : ces éléments ont une structure simple constituée d'un ORF transposase flanqué de untranslated regions (UTR), de TIR et de TSD TA (Plasterk et al. 1999 ; Leroy et al. 2003). Les TIRs ont généralement une taille comprise entre 20 et 40 pb, à l'exception de l'élément Mcmar1 identifié chez le nématode *Meloidogyne chitwoodi*, qui possède des TIRs de grande taille (LTIRs) pouvant atteindre 355 pb. L'ORF de la transposase code une protéine de 350 acides aminés contenant deux domaines principaux (Figure 18) : (1) Le domaine N-terminal de liaison à l'ADN, qui contient le motif helix-turn-helix (HTH) responsable de la liaison de la transposase aux TIRs, et la séquence de localisation nucléaire (NLS), qui est impliquée dans la translocation de la transposase dans le noyau (Benjamin et al. 2007). Ce domaine contient également le premier motif de signature de la transposase, c'est-à-dire WVPREL (Augé-Gouillou et al. 2005). (2) Le domaine C-terminal-catalytique contient le motif DD34D, ce qui signifie que les deux derniers résidus aspartiques (D) sont séparés par 34 acides aminés. Ces trois résidus sont ancrés à trois motifs conservés, c'est-à-dire TGDE, HDNA et YSPDLAP(x)D. Cette triade catalytique DD34D est nécessaire pour le clivage et l'intégration du TE dans le site cible (Benjamin et al. 2007; Yuan et Wessler 2011).

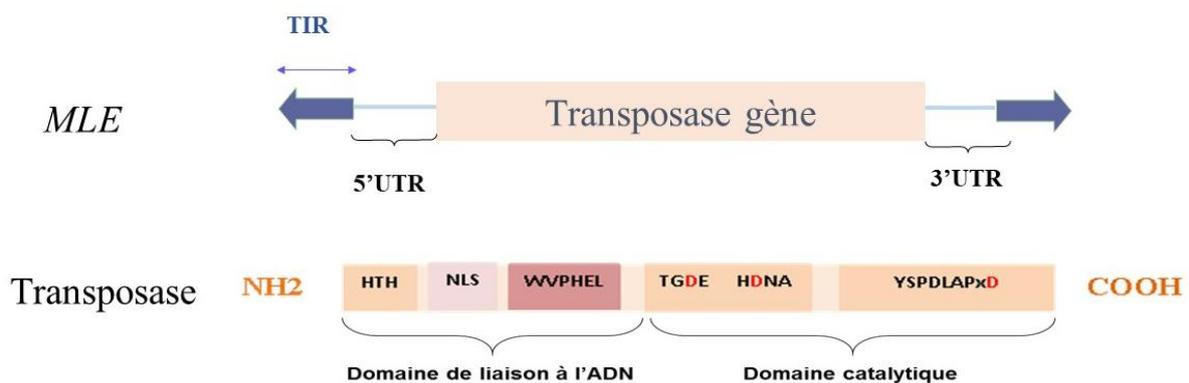


Figure 18 schéma représentatif des caractéristiques de la séquence nucléotidique (MLE) et de la séquence de la transposase (transposase) de la famille des MLEs

II-3-2-2 La sous classe 2

Les transposons de la sous-classe 2 sont groupés dans deux ordres. Ces éléments se répliquent sans clivage du double brin contrairement aux transposons d'ADN de la sous classe 1.

- ❖ **La superfamille des *helitrons*** : les éléments de cette superfamille se répliquent par un mécanisme de cercle roulant et leur insertion n'entraîne pas une duplication du site cible (Kapitonov et Jurka 2001). Les helitrons codent une tyrosine recombinase ainsi que d'autres protéines. Ces éléments ont été décrits pour la première fois chez les plantes, mais ils sont également présents dans d'autres phylums, y compris les champignons et les mammifères (Hood 2005 ; Pritham et Feschotte 2007).
- ❖ **La superfamille des *mavericks*** dont les transposons sont de grande taille et ont été trouvés dans différentes lignées eucaryotes, à l'exception des plantes (Pritham et al., 2007). Ces éléments codent plusieurs protéines, dont l'ADN polymérase B et une intégrase. Kapitonov et Jurka (2006) ont suggéré que leur cycle de vie commence par une excision d'un seul brin d'ADN, suivie d'une répllication extrachromosomique pour être réintégré dans un nouvel emplacement (Kapitonov et Jurka 2006).

III- Méthodes d'annotation des ETs

L'évolution permanente du nombre des génomes séquencés de différents organismes, a permis de révolutionner nos connaissances sur les génomes et d'offrir de nombreuses possibilités de recherche sur les ETs. En fait, plusieurs raisons nous incitent à analyser les ETs dans un ou divers génomes. Les ETs sont des entités biologiques, très intéressantes pour étudier la régulation des gènes, la structure ou l'évolution du génome. Par conséquent, ces éléments méritent d'être étudiés. Cependant, il ne s'agit pas d'une tâche simple et elle requiert des approches différentes selon le niveau d'analyse. De ce fait, de nombreuses méthodes et sont utilisées pour identifier les ETs.

III-1 Les Approches de novo pour la recherche des ETs

La caractérisation *de novo* de transposons implique plusieurs étapes. Tout d'abord, il faut détecter toutes les répétitions dans un génome, puis construire un consensus de chaque famille de séquences apparentées, et enfin classer les séquences identifiées. Pour la première

étape, il existe trois groupes d'algorithmes reposant sur deux approches : l'approche k-mer et l'approche *all by all* .

- ❖ **L'approche des K-mer** se base sur l'analyse des séquences pour détecter des répétitions de tailles k d'où le nom k-mer. Les répétitions doivent avoir un nombre important d'exemplaires permettant de les identifier dans un grand génome d'une manière efficace et rapide. Le plus souvent, les paramètres de détection des répétitions sont différents pour chaque type de transposons, à savoir le nombre de copies qui peut être faible ou élevé, l'âge des transposons ancien ou jeunes et le niveau d'apparenté entre les différentes classes et familles des ETs. Plusieurs programmes ont été développés sur la base de l'idée de k-mer notamment REPuter (Kurtz et Schleiermacher 1999 ; Kurtz et al., 2001) et Repeat-match (Delcher et al., 1999, Delcher et al., 2002). Une autre approche consiste à utiliser des k-mers de longueur fixe comme dans le cas de ces trois outils ReAS (Li et al., 2005), RepeatScout (Price et al., 2005), Tallymer (Kurtz et al., 2008) et FORRepeats (Lefebvre et al., 2003).
- ❖ **L'approche *all by all*** : il s'agit de confronter le génome à lui-même en comparant les séquences du génome entre elles à l'aide de différents outils bio-informatiques tels que Repeat Pattern Toolkit (RPT) (Agrawal, 1994), Grouper (Quesneville et al., 2003; Quesneville et al., 2005), RECON (Bao et Eddy 2002), PILER (Edgar et Myers 2005, Edgar 2007) et BLASTER (Quesneville et al., 2005) qui utilisent un algorithme permettant la comparaison et la clusterisation de séquences nucléotidique et l'établissement d'une relation statistique entre eux, l'outil le plus connu est BLAST (Altschul et al., 1990).

III-2 Détermination des ETs à partir des données de séquençage

Le développement constant des technologies de séquençage et la baisse du coût ont favorisé l'explosion de nombre de nouveaux génomes séquencés. En mai 2022, on comptait 69,659 génomes disponibles (informations récupérées le 03 mai 2019 sur le site (www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/browse/)). Cependant, cela a un prix : la plupart des génomes récemment séquencés, en raison de la technologie de séquençage à lecture courte, sont disponibles à divers niveaux d'assemblage. Pour la plupart des organismes non-modèles, on nous présente des ébauches d'assemblages de contigs plutôt courts. De plus, ces génomes ne sont généralement pas très bien annotés et les ETs ne figurent pas sur la liste des priorités

d'annotation. Pour combler cette lacune, un certain nombre de méthodes ont été développées pour détecter les répétitions à partir des données brutes de séquençage. Les outils les plus utilisés sont :RepeatExplorer (Novák et al., 2013), RepArk (Koch et al., 2014) et dnaPipeTE (Goubert et al., 2015).

IV- Approches de classification des ETs

Il existe trois approches qui permettent la classification des ETs : la première se base sur la similarité, la deuxième porte sur les structures et motifs signature des ETs et la troisième repose sur le mécanisme de transposition. Cette dernière approche est très souvent utilisée dans des logiciels spécialisés adaptés à un type spécifique d'ET (Abrusán et al., 2009).

IV-1 Approche basée sur la similarité

Cette approche est basée sur la détection de similarité entre les ETs identifiés et les séquences codantes des ETs connus au niveau des bases de données. En général, c'est l'approche la plus recommandée lorsqu'il s'agit des séquences provenant de génomes bien caractérisés ou d'un génome relativement proche d'un génome bien étudié.

Le premier logiciel utilisant l'approche basée sur la similarité pour la classification des répétitions est Censor, développé par Jerzy Jurka au début des années 1990 (Jurka et al., 1996). Cet outil utilise RepBase (Bao et al., 2015) comme base de référence et BLAST comme moteur de recherche (Altschul et al., 1990). Cependant, le logiciel de détection des ETs le plus populaire est RepeatMasker (<http://www.repeatmasker.org>). Il est intéressant de noter que ce programme utilise également RepBase et BLAST pour effectuer les analyses.

IV-2 Approche basée sur les structures et motifs signatures

Cette approche est fondée sur la recherche de certaines caractéristiques spécifiques des ETs, par exemple, les LTR, les TSD et les TIR, *etc.* Étant donné que les différents types (familles) d'éléments sont structurellement différents, ils nécessitent des règles spécifiques pour leur détection et classification. Par conséquent, de nombreux programmes qui utilisent des algorithmes basés sur les motifs signatures sont spécifiques pour certains types de transposons. Il existe un certain nombre de programmes spécialisés dans la détection des transposons LTR, qui prennent en compte plusieurs caractéristiques structurelles des rétrotransposons LTR, notamment la taille, la présence de TSDs et de signaux de réplication.

Certains programmes vérifient également les ORFs codant les protéines gag, pol et env. LTR_STRUC (McCarthy et McDonald 2003) est l'un des premiers programmes basés sur ce principe. Il utilise la stratégie "seed-and-extend" pour trouver les répétitions situées à une distance définie par l'utilisateur. Les régions candidates sont étendues sur la base de l'alignement par paire pour déterminer les limites des LTRs apparentés. Les éléments putatifs de pleine taille sont évalués en fonction de la présence de TSD et ORF de la transcriptase reverse.

Plusieurs autres programmes ont été développés sur la base de principes similaires, tels que, LTR (Kalyanaraman et Aluru 2006), find_LTR (Rho et al., 2007), LTR_FINDER (Xu et Wang 2007), et LTRharvest (Ellinghaus et al., 2008).

Un autre groupe de transposons qui ont une structure relativement conservée sont les MITEs et les Helitrons. Plusieurs programmes spécialisés ont été développés pour tirer parti de leur structure spécifique. MITE Tracker (Crescente et al., 2018) et MiteFinderII (Hu et al., 2018) sont adaptés aux MITEs, tandis que HelitronFinder (Du et al., 2008) et HelSearch (Yang et Bennetzen 2009) ont été développés pour la détection des hélitrons.

IV-3 Approche basée sur le mécanisme de transposition

Cette approche a été mise en œuvre par Abrusán et al., (2009) qui a développé un logiciel appelé TEclass. Cet outil permet de classer les séquences consensus de TEs inconnues en quatre catégories, en fonction de leur mécanisme de transposition : transposons d'ADN, LTRs, LINEs et SINEs. Le logiciel présume que la séquence analysée est un ET et suit un processus de classification binaire afin d'établir la classification (<http://bioinformatics.uni-muenster.de/tools/teclass/index.hbi>).

Matériel et Méthodes

I- Source de données et qualité de génome

I-1 Le génome de *B.tabaci*

Le génome MEAM1/B *B. tabaci*, séquencé par Chen et al. (2016) à partir d'une colonie de 6,500 individus mâles haploïdes issus d'une seule femelle MEAM1 collectée à l'USDA-ARS à Charleston, SC, USA en avril 2013, en utilisant les technologies (Illumina HiSeq 2500 system) pour les « short reads » et (PacBio RSII system) pour les « long reads », a été utilisé comme source de données pour l'étude des ETs. L'assemblage de ce génome a été effectué moyennant Platanus (Kajitani et al., 2014) et son annotation a été réalisée avec les pipelines MAKER (Cantarel et al., 2008), augustus (Stanke et Waack 2003) et SNAP (Korf 2004). La qualité de l'assemblage de ce WGS a été vérifiée à l'aide de Blobtools (Laetsch et Blaxter 2017) et QUAST – Quality Assessment Tool for Genome Assemblies (Gurevich et al., 2013) (Figure 14, Table 2). L'histogramme (Figure 19 A) montre que les reads sont totalement assemblés (100%) et celui de GC% la (Figure 19 B) indique 4 groupes taxonomiques celui des arthropodes, des streptophytes, des protéobactéries et des tardigrades. Le groupe des arthropodes montre que *B.tabaci* est affilié à l'embranchement arthropoda et qu'il est associé à des streptophytes, des protéobactéries et des tardigrades qui sont aussi surnommés oursons d'eau. Les no-hit reflète que ce génome englobe des séquences qui lui sont spécifiques. Le génome de *B. tabaci* fait une taille de 615Mb assemblé en 19,746 scaffolds avec une longueur N50 de 3,232,964 kb et L50 de 56 scaffolds (Tableau 2). Cette séquence génomique a été installée à partir de la base de données NCBI (assembly ASM185493v1) afin de chercher les éléments transposables.

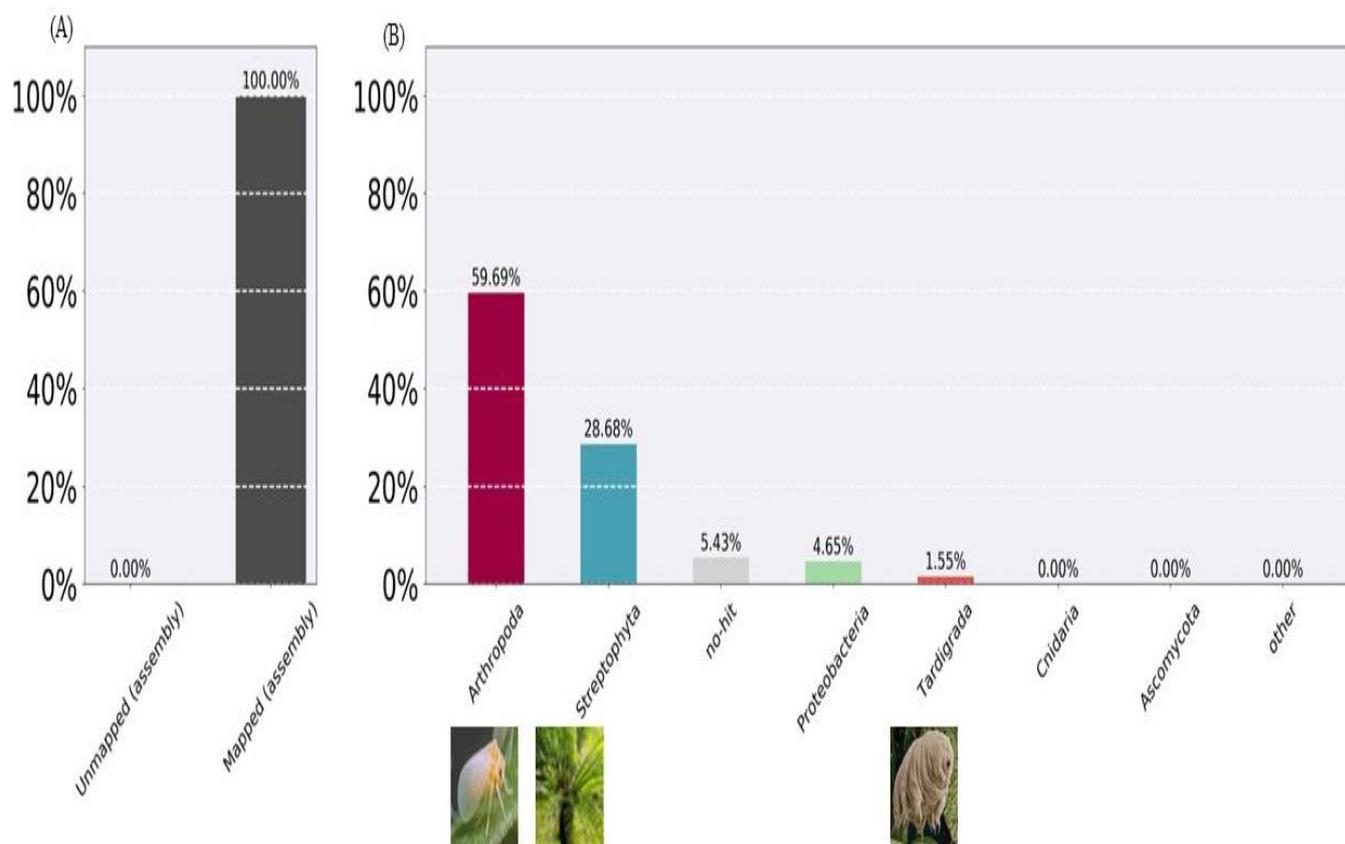


Figure 19 Visualisation de l'assemblage combiné des bibliothèques de séquençage.

(A) Histogrammes qui montrent les reads mappé et non de la séquence génomique. (B) Histogrammes du pourcentage GC% pour chaque groupe taxonomique. Une légende reflète l'affiliation taxonomique des séquences. Le nombre de groupes taxonomiques est de sept par défaut et les groupes restants sont classés dans la catégorie « others ».

Tableau 2 Caractéristiques d'assemblage de génome de *B. tabaci*

	<i>B. tabaci</i>
Nombre de scaffold	19,746
Taille totale de génome (pb)	615,015,601
Scaffold le plus large	11,178,615
Taille totale ≥ 1000pb	609,136,953
Taille totale $\geq 10\ 000$pb	584,989,749
Taille totale $\geq 50\ 000$ pb	578,629,586
Scaffold N50 (pb)	3,232,964
Scaffold L50	56

II- Identification des éléments transposables

II-1 L'annotation du génome de *B. tabaci* avec REPET

La recherche des éléments transposables a été établie en se basant sur des approches bio-informatiques. Le génome assemblé de *B. tabaci* MEAM1 a été utilisée pour effectuer l'annoter de *novo* les ETs moyennant le programme REPET v3.0 avec les paramètres par défaut. Ce programme a été développé par l'équipe de l'URGI à l'INRA de Versailles (Queseville et al. 2005; Flutre et al. 2011). Cet outil est formé principalement d'une combinaison de deux pipelines : TEdenovo pour la recherche de *novo* des familles des ETs présentes dans le génome en question et TEannot pour détecter toutes les copies dans appartenant à ces familles.

II-1-1 Recherche des ETs par TEdenovo

L'analyse TEdenovo est basée sur trois étapes principales : une étape de comparaison du génome à lui-même suivant la méthode « all by all », une étape de clustering qui se caractérise par une étape d'alignements multiples des clusters, une étape de construction des consensus et de classification de ces derniers.

Premièrement, la séquence génomique de *B. tabaci* est découpé en fragments afin d'être aligné en utilisant BLASTER permettant ainsi d'obtenir des répétitions hautement similaires appelées HSPs (High- Scoring Segment Pairs). Cette étape est caractérisée par un nombre très élevé de fragments génomiques à aligner qu'on appelle « chunks » et exige des paramètres stricts permettant de récupérer les HSPs présentant un e-value $< 1e^{-300}$ et une similarité $> 90\%$.

Ensuite, les répétitions HSP sont regroupées à l'aide de GROUPER et RECON, qui sont des programmes permettant la génération des ETs selon 3 stratégies : soit en générant les séquences d'ADN en formant des copies par « single linkage » avec une couverture de 95 %, soit en créant un élément ancestral putatif sur un site donné avec une couverture de 50 % soit par empilement des séquences HSPs sur leurs emplacements correspondants avec une couverture de 95 % pour former des clusters. Cette étape est suivie par une étape de filtration des résultats pour éliminer les clusters formés par moins de trois séquences, éviter les mauvais alignements engendrant une baisse de la qualité du consensus à construire en maintenant uniquement les 20 plus grandes séquences dans le cas des clusters contenant un grand nombre de séquences et enfin éliminer les redondances issues des combinaisons des deux outils de

clustering. Les séquences formant chaque cluster sont alignées par le programme MAP (Huang 1994) afin de générer les consensus. Enfin, les consensus sont classés en fonction des caractéristiques des TE (LTR, TIR, queue polyA, cadre de lecture ouvert, etc.) ainsi que de leurs similarités avec les TE de référence de la base de données actualisée Repbase V26.10 (Bao et al., 2015), des bases de données Pfam (Finn et al., 2016) et des profils HMM (Finn et al., 2011; Mistry et al., 2013). Pour terminer, une étape de classification est réalisée par PASTEC (Hoede et al., 2014) sur la base du système de classification décrit par Wicker et une bibliothèque de séquences consensus classées non-redondantes est construite.

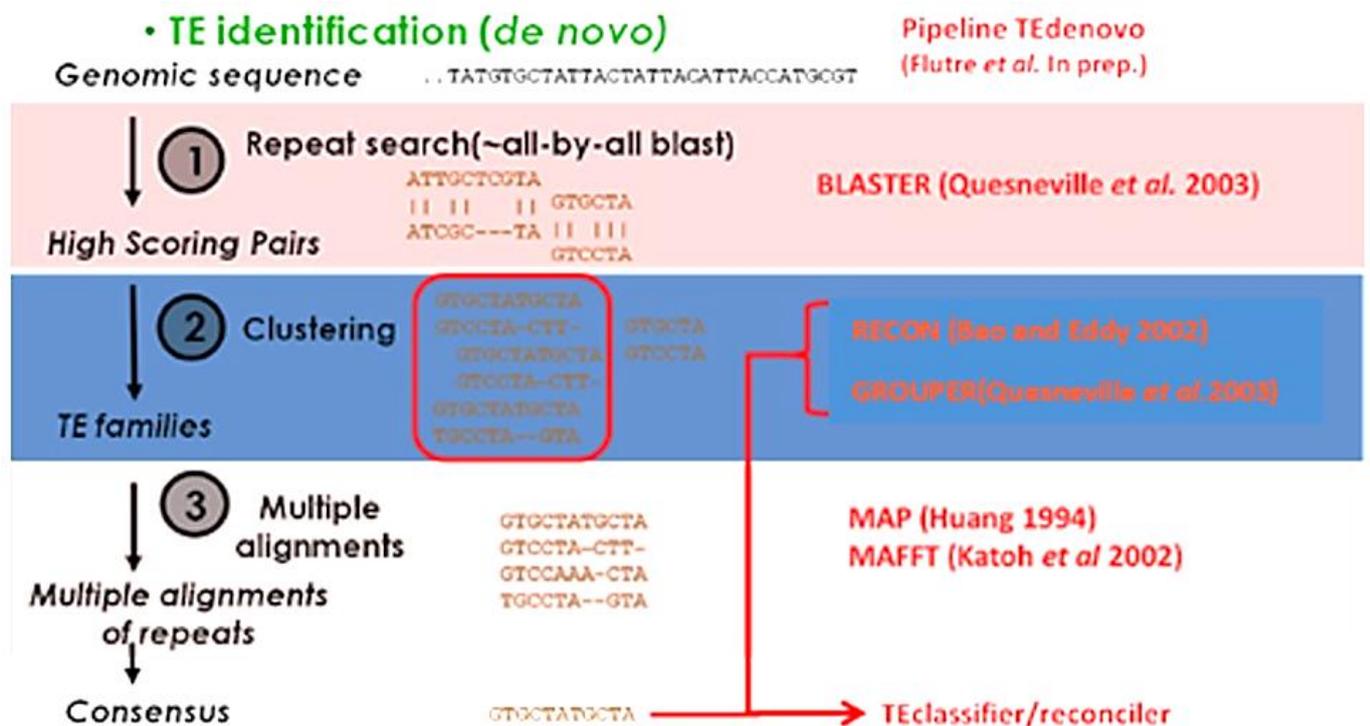


Figure 20 Représentation schématique des principales étapes d’analyses effectuées en utilisant le pipeline TEdenovo. D’après Quesneville (2019).

II-1-2 Annotation des ETs par TEannot

L’analyse par TEannot comprend quatre étapes majeures: une étape d’alignement des bibliothèques des consensus avec la séquence génomique, une étape de combinaison des HSPs obtenus et d’élimination des faux et une étape de connexion et de jointure des différents HSPs restants. La bibliothèque des consensus générés par TEdenovo est utilisée pour scanner les 615Mb du génome de *B.tabaci* et annoter toutes les copies d’ETs présentes. Cette étape de recherche des HSPs est réalisée moyennant les trois outils BLASTER, RepeatMasker et CENSOR (Kohany et al. 2006) en alignant les consensus de référence avec les chunks génomiques puis

reconnectés entre eux en éliminant les redondances et nettoyant les conflits par une procédure de jointure assurée par MATCHER (Quesneville et al. 2003).

Ensuite, une étape de recherche des microsatellites en utilisant les trois programmes TRF (Benson 1999), Mreps (Kolpakov et al. 2003) et RepeatMasker (SSR) dans le but de les écartés de l'étude puisqu'on s'intéresse uniquement aux ETs. Pour éliminer les fausses correspondances et augmenter la qualité de l'annotation ETs, un double tour de TEannot est effectué. Le premier tour de TEannot est effectué pour identifier les consensus qui ont au moins une copie pleine taille couvrant plus que 95 % du consensus (FLC : Full Length Copy). Le seconde tour de TEannot est effectué pour augmenter la qualité de l'annotation des séquences en utilisant les consensus filtrés d'où la génération des ETs « uncatégorised » qui sont formés de moins de dix copies. En effet, REPET associe plusieurs méthodes de détection pour générer les séquences répétées les plus complètes. Enfin, TEannot crée des fichiers d'annotation de type GFF détaillant toutes les caractéristiques des copies identifiées ainsi que leurs coordonnées par rapport au consensus et sur le génome. Toutes les séquences consensus des ETs sont vérifiées manuellement en vérifiant les caractéristiques structurelles et éliminant les séquences chimériques et les duplications artéfactuelles.

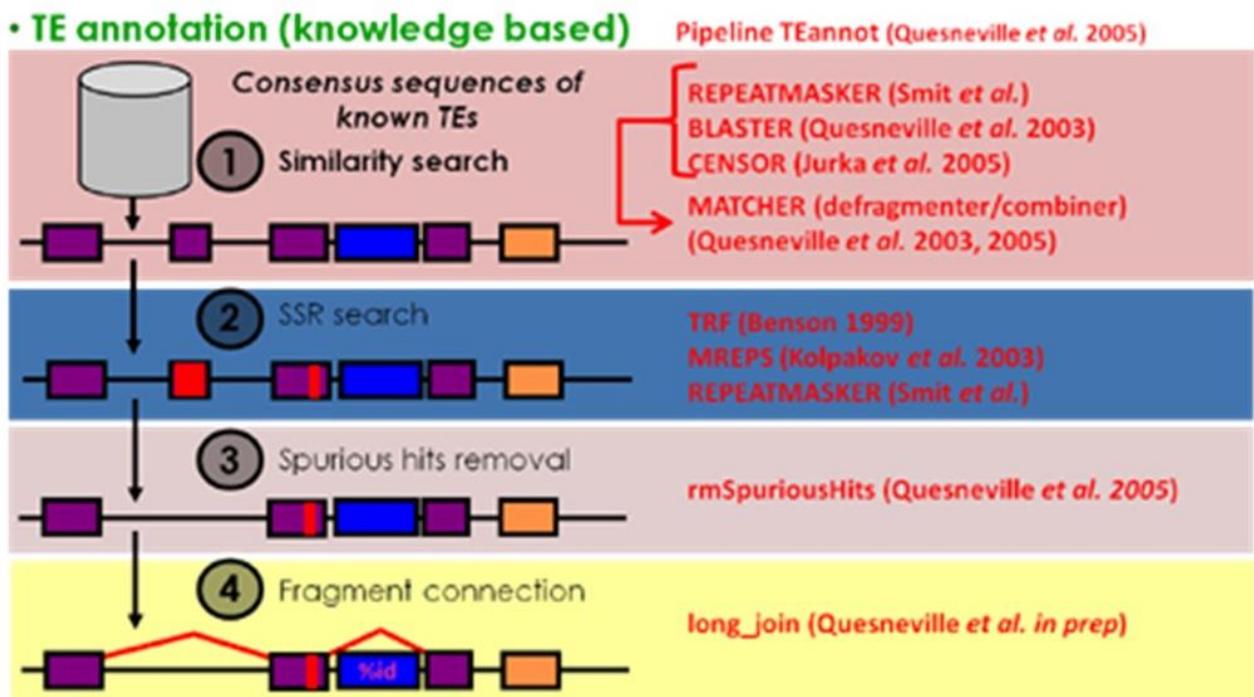


Figure 21 Représentation schématique des principales étapes d'analyses effectuées en utilisant le pipeline TEannot. D'après Quesneville (2019).

III- L'annotation du génome de *B.tabaci* basée sur la structure et la similarité des séquences

III-1 Identification des MLEs et de leurs MITEs dérivés

La recherche des MLEs dans le génome de *B. tabaci* a été réalisée selon la méthode de similarité décrite par Bouallègue *et al.* (2017) et Xie *et al.* (2018). Un total de 57 séquences de référence nucléotidiques et 19 protéiques des cinq principales sous-familles de *Mariner* (*irritans*, *mauritiana*, *mellifera*, *elegans* et *cecropia*) ont été utilisées comme requêtes (tableaux 3 et 4). Ces séquences requêtes ont été confrontées aux séquences génomiques en effectuant BLASTN et tBLASTN, respectivement (Altschul *et al.*, 1990). Une première étape de filtration a été réalisée afin d'exclure les séquences ayant une identité inférieure à 30 %. Les séquences restantes ont été étendues à 1,000 paires de bases supplémentaires de part et d'autre afin d'obtenir des séquences MLE pleine taille avec TSD, TIR, UTR et ORF. Les TIR ont été détectés manuellement en alignant les séquences avec leurs séquences complémentaires à l'aide de l'algorithme *multAlin* (Corpet, 1988). Afin de détecter les séquences TIR unilatérales, ces dernières ont été alignées avec celles ayant les deux TIRs. Les séquences MLE identifiées ont ensuite été utilisées comme requêtes de nucléotides pour récupérer plus de séquences à l'aide de l'algorithme BLASTN. Les séquences obtenues ont été soumises à une seconde étape de filtration pour exclure les copies redondantes et celles inférieures à 500 pb (Wallau *et al.*, 2014; Berthelie *et al.*, 2018). Les séquences restantes ont été regroupées à l'aide de CD-HIT avec un seuil d'identité de 80 % et une couverture de 60 %. Ensuite, leurs ORF ont été identifiés à l'aide de l'algorithme BLASTX et du programme SIXPACK mis en œuvre dans le portail EMBOSS (https://www.ebi.ac.uk/Tools/st/emboss_sixpack). Des recherches supplémentaires des domaines HTH et NLS ont été effectuées à l'aide de NPS@ : Network Protein Sequence Analysis and SeqNLS (Dodd et Egan 1990 ; Lin et Hu 2013), respectivement. La recherche du domaine catalytique représenté par les trois acides aspartiques séparés par 34 acides aminés ancrés aux motifs TGDE, HDNA et YSPDLA(X)D a été effectuée manuellement. Enfin, une étape de filtration a été réalisée pour éliminer les copies sans domaine catalytique. La modélisation des transposases des MLEs complets et la prédiction de leur structure tridimensionnelle a été réalisée en utilisant le programme Phyre2 (KELLEY *et al.*, 2015).

Pour récupérer les MITE dérivés des MLE, le génome MEAM/B a d'abord été soumis à MITE Tracker (Crescente et al., 2018) et les séquences MITE putatives obtenues ont ensuite été utilisées comme requêtes pour effectuer un BLASTN (valeur $e < 10^{-10}$; Lu et al., 2012) contre les MLE précédemment identifiés.

Tableau 3 Références nucléiques de MLEs utilisées comme requêtes dans la recherche BLASTN

Superfamille <i>Irritans</i>		
AC.number	Espèces	Groupe
L06041	<i>Green lacewing</i>	Insecte
AY601745	<i>Diachasmimorpha longicaudata</i>	Insecte
AY601748	<i>Diachasmimorpha longicaudata</i>	Insecte
AY601746	<i>Psytalia fletcheri</i>	Insecte
U11642	<i>Haematobia irritans</i>	Insecte
U11658	<i>Anopheles gambiae</i>	Insecte
U11646	<i>Drosophila ananassae</i>	Insecte
AB056896	<i>Adoxophyes honmai</i>	Insecte
U11649	<i>Mantispa pulchella</i>	Insecte
AY601743	<i>Bactrocera dorsalis</i>	Insecte
GQ398105	<i>Agrilus planipennis</i>	Insecte
Superfamille <i>Elegans</i>		
AC.number	Espèces	Groupe
AJ437557.1	<i>Meloidogyne chiwoodi</i>	Nematode
DQ138261	<i>Adineta vaga</i>	Rotifer
DQ138276	<i>Adineta vaga</i>	Rotifer
AF014939.1	<i>Caenorhabditis elegans</i>	Nematode
Superfamille <i>Cecropia</i>		
AC.number	Espèces	Groupe
M63844	<i>Hyalophora cecropia</i>	Insecte
D88671	<i>Bombyx mori</i>	Insecte
AB363005	<i>Bombyx mandarina</i>	Insecte
AB006464	<i>Attacus atlas</i>	Insecte
AB055186	<i>Hyphantria cunea</i>	Insecte
AB055183	<i>Cephonodes hylas</i>	Insecte
AB055185	<i>Papilio xuthus</i>	Insecte
AB055187	<i>Traulia ornata</i>	Insecte
AB055184	<i>Eumeta japonica</i>	Insecte
AB055188	<i>Fungia sp. Kusabiraishi</i>	Fungia
AB055182	<i>Junonia almana almana</i>	Insecte
AB055181	<i>Danaus chrysippus</i>	Insecte
AF126011	<i>Antheraea mylitta</i>	Insecte
X71979	<i>Girardia tigrina</i>	Dugesiid

Superfamille <i>mellifera</i>		
AC.number	Espèces	Groupe
AF124047	<i>Ceratitis capitata</i>	Insecte
AY155491	<i>Chymomyza amoena</i>	Insecte
AY155490	<i>Apis mellifera</i>	Insecte
AY155493	<i>Ceratitis capitata</i>	Insecte
AY154756	<i>Epicauta funebris</i>	Insecte
AY154754	<i>Apis mellifera</i>	Insecte
HP496852	<i>Apis mellifera</i>	Insecte
AF349133	<i>Bactrocera tryoni</i>	Insecte
U08094	<i>Drosophila erecta</i>	Insecte
U18308	<i>Glossina palpalis</i>	Insecte
Superfamille <i>mauritiana</i>		
AC.number	Espèces	Groupe
M14653	<i>Drosophila mauritiana</i>	Insecte
AF355143	<i>Blattella germanica</i>	Insecte
X78906	<i>Drosophila mauritiana</i>	Insecte
AF373028	<i>Musca domestica</i>	Insecte
X89927	<i>Drosophila simulans</i>	Insecte
X86159	<i>Zaprionus tuberculatus</i>	Insecte
AF035566	<i>Drosophila teissieri</i>	Insecte
AF465247	<i>Mamestra brassicae</i>	Insecte
X86158	<i>Drosophila tsacasi</i>	Insecte
AJ312712	<i>Bombus terrestris</i>	Insecte
AJ312723	<i>Eupelmus vuilleti</i>	Insecte
AY652423	<i>Myrmica ruginodis</i>	Insecte
X73312	<i>Myrmica ruginodis</i>	Insecte
EF418011	<i>Pleistodontes addicotti</i>	Insecte
EF418012	<i>Pleistodontes addicotti</i>	Insecte
AF51817	<i>Solenopsis richteri</i>	Insecte
AF518170	<i>Solenopsis invicta</i>	Insecte
AF518177	<i>Solenopsis saevissima</i>	Insecte

Tableau 4 Références de transposases MLEs utilisées comme requêtes dans la recherche tBLASTN (numéro d'ACcession,Espèce,Groupe)

Superfamille <i>Irritans</i>		
AC.number	Espèces	Groupe
KFM57566.1	<i>Stegodyphus mimosarum</i>	Arachnid
XP_035224980.1	<i>Stegodyphus dumicola</i>	Arachnid
XP_023310469.1	<i>Anoplophora glabripennis</i>	Insecte
APL98296.1	<i>Bactrocera tryoni</i>	Insecte
APL98287.1	<i>Bactrocera tryoni</i>	Insecte
CAP20047.1	<i>Portunus granulatus</i>	Crustacean
CAJ76986.1	<i>Pachygrapsus marmoratus</i>	Crustacean
Superfamille <i>Elegans</i>		
AC.number	Espèces	Groupe
F11D11.9	<i>Caenorhabditis elegans</i>	Nematode
DQ138284.1	<i>Adineta vaga</i>	Rotifer
F11D11.9	<i>Caenorhabditis elegans</i>	Nematode
Superfamille <i>Cecropia</i>		
AC.number	Espèces	Groupe
BAA23532.1	<i>Bombyx mori</i>	Insecte
ABQ88321.1	<i>Homo sapiens</i> (construit)	Homme
Superfamille <i>mellifera</i>		
AC.number	Espèces	Groupe
AAO12861.1	<i>Apis mellifera</i>	Insecte
AAO12862.1	<i>Chymomyza amoena</i>	Insecte
AAO12863.1	<i>Forficula auricularia</i>	Insecte
Superfamille <i>mauritiana</i>		
AC.number	Espèces	Groupe
AAK54758.1	<i>Musca domestica</i>	Insecte
AAA28678.1	<i>Drosophila mauritiana</i>	Insecte
APL98294.1	<i>Bactrocera tryoni</i>	Insecte
AAC28261.1	<i>Drosophila teissieri</i>	Insecte

Identification des MLEs



CD-HIT



Identification des MITES dérivés des MLEs

MITETracker

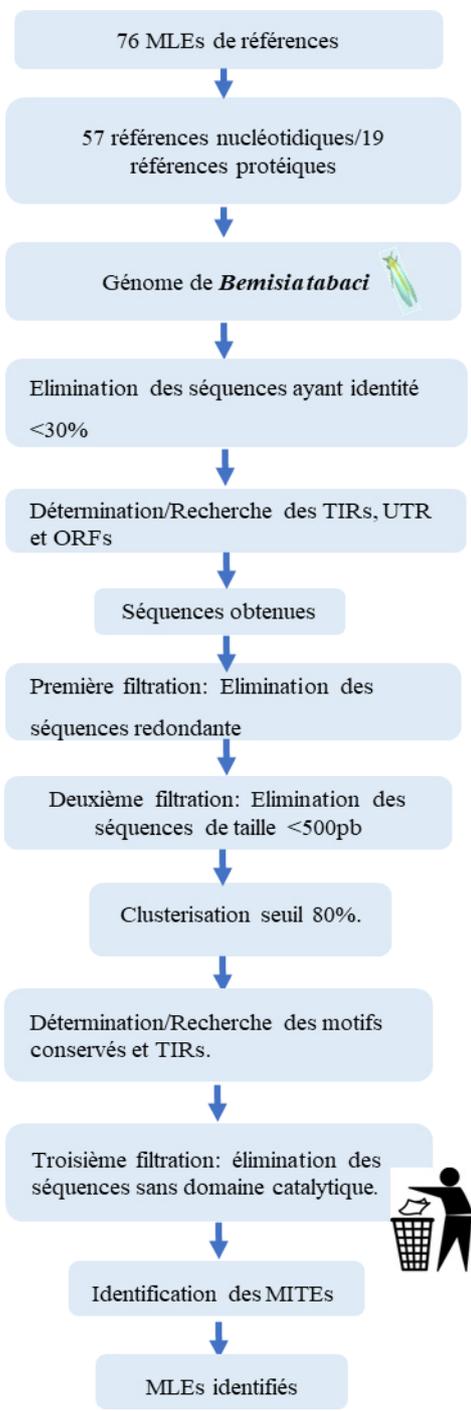


Figure 22 Schéma représentant les étapes successives d'identification des MLEs et de leurs MITES dérivés *in silico* chez *B. tabaci*.

IV- Clusterisation des MLEs

Les séquences MLEs ont été comparées les unes aux autres et regroupées sur la base d'une identité de séquence supérieure à 80 % et d'une couverture minimale de 60 %. Les groupes obtenus ont été visualisés par le logiciel Cytoscape 3.7.2 puis utilisés pour effectuer une analyse de *maximum vraisemblance* au moyen du logiciel MEGAX (Kumar et al., 2018). L'attribution des groupes d'MLEs à leurs sous-familles a été effectuée en les comparant avec la base de données NCBI à l'aide de l'algorithme BLASTX et en réalisant une analyse phylogénétique selon la méthode de *maximum de vraisemblance* à l'aide du logiciel PhyML 3.0, après alignement des séquences d'acides aminés reconstruites de chaque groupe avec des séquences de référence connues (tableau 4) en utilisant le logiciel CLUSTAL 2.1 Multiple Sequence Alignments (Chenna et al., 2003), les bootstraps ont été répartis de 0 à 1 (Guindon et al., 2010).

V- Etude de la dynamique des ETs

V-1 Estimation de la distribution de l'âge des ETs

L'étude de la distribution de l'âge des ETs a été estimée en se basant sur les taux d'insertion et de délétion des familles des ETs à l'aide du « package TE » version 0.3-0 implémenté dans R version 4.0.3 selon les modèles statistiques proposés par Dai et al. (2018). Il s'agit d'une estimation améliorée de la distribution de l'âge qui tient compte des mutations aléatoires, ainsi que d'un ajustement par le taux de délétion, pour calculer le taux d'insertion.

V-2 Sites d'insertion des ETs

La recherche des sites d'insertions des ETs au niveau des gènes (du site de début de transcription au codon stop) et 2 kb en amont et en aval a été effectuée moyennant l'outil bedtools-closest v2.26.0 (Goerner-Potvin et al. 2018 ; Xu et al.2013) en combinant les fichiers gff des annotations des ETs de TEannot avec celui des gènes de *B. tabaci* obtenues à partir de la base de données NCBI. Ce programme recherche les sites d'insertions des ETs dans le génome qui sont proches ou qui chevauchent avec les gènes fournis. Les emplacements des insertions des ETs dans les gènes, leurs orientations et la distance entre les gènes et les ETs ont été utilisés pour classer les insertions. Ensuite, les insertions des TEs qui pourraient être

impliquées dans la résistance aux insecticides ont été recherchées en utilisant les gènes de défense annotés de Chen et al. 2016 associés à la détoxification et à la résistance aux insecticides chez *B. tabaci* dans les populations sensibles et résistantes en réponse au traitement insecticide (Chen et al. 2016). Ces gènes ont été téléchargés sur le site web du NCBI (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/data-hub/gene/table/taxon/7038/?utm_source=gquery&utm_medium=referral).

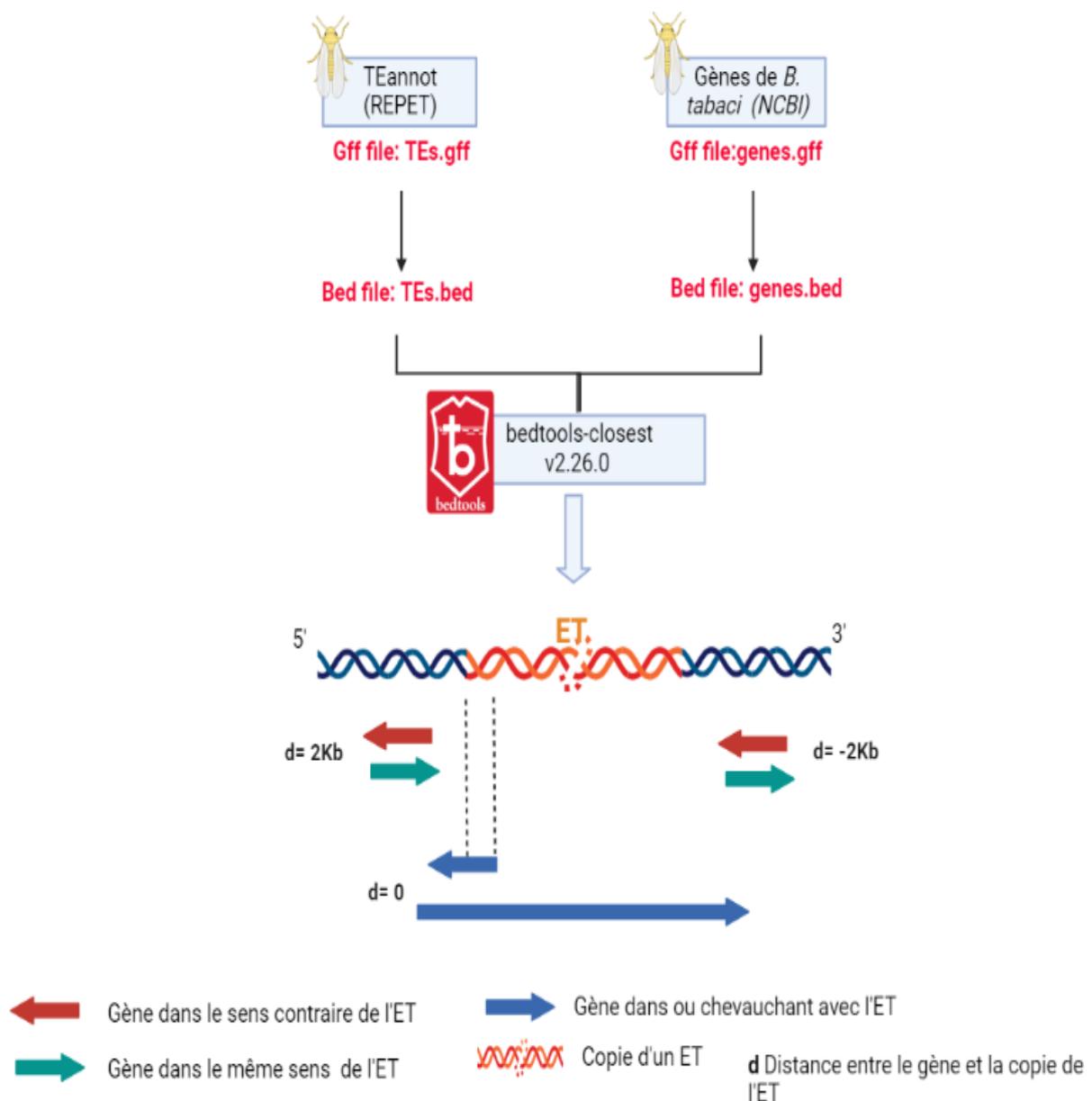


Figure 23 Schéma représentatif de la méthode de recherche des sites d'insertion des copies des ETs et représentation des positions possibles de l'insertion de l'ET par rapport aux gènes. La figure a été créée à l'aide de BioRender ([https:// biorender. com/](https://biorender.com/))

VI- Analyse des données du transcriptome

L'analyse des données transcriptomique a été réalisée afin d'étudier l'expression des séquences MLE complètes selon le protocole décrit par Perteau et al. (2016) . Dans cette étude, les données transcriptomique (SRA : Sequence Read Archive) de l'aleurode *B. tabaci* MEAM1 sous l'accession au bioprojet PRJNA312467 ont été utilisées afin d'étudier l'expression des deux MLE complets dans le génome de cet insecte au cours des 3 premiers jours d'acquisition du *Tomato yellow leaf curl virus* (TYLCV).

Les données SRA ont d'abord été téléchargées à partir de la base de données NCBI SRA, puis mappées à l'aide de HISAT2 (<http://ccb.jhu.edu/software/hisat2> ou <http://github.com/infphilo/hisat2>) sur les scaffolds comprenant les deux MLEs complets identifiés. Les alignements ont été soumis à StringTie (<http://ccb.jhu.edu/software/stringtie> ou <https://github.com/gpertea/stringtie>) pour assembler et quantifier les transcrits des deux MLEs. Ensuite, les transcrits assemblés ont été fusionnés par un module spécial de StringTie, qui crée un ensemble uniforme de transcrit pour les deux éléments. Afin de comparer les gènes et les transcrits avec l'annotation de référence et les statistiques des rapports, une étape facultative a été effectuée à l'aide de gffcompare (<http://ccb.jhu.edu/software/stringtie/gff.shtml> ou <http://github.com/gpertea/gffcompare>).

Enfin, StringTie estime les abondances de transcrits et crée des décomptes de table pour Ballgown, qui est un package R, utilisé pour calculer les valeurs normalisées de FPKM (fragments par kilobase d'exon par million de lectures cartographiées) et sélectionne les gènes ayant un FPKM > 1 (Macko-Podgórni et al., 2021).

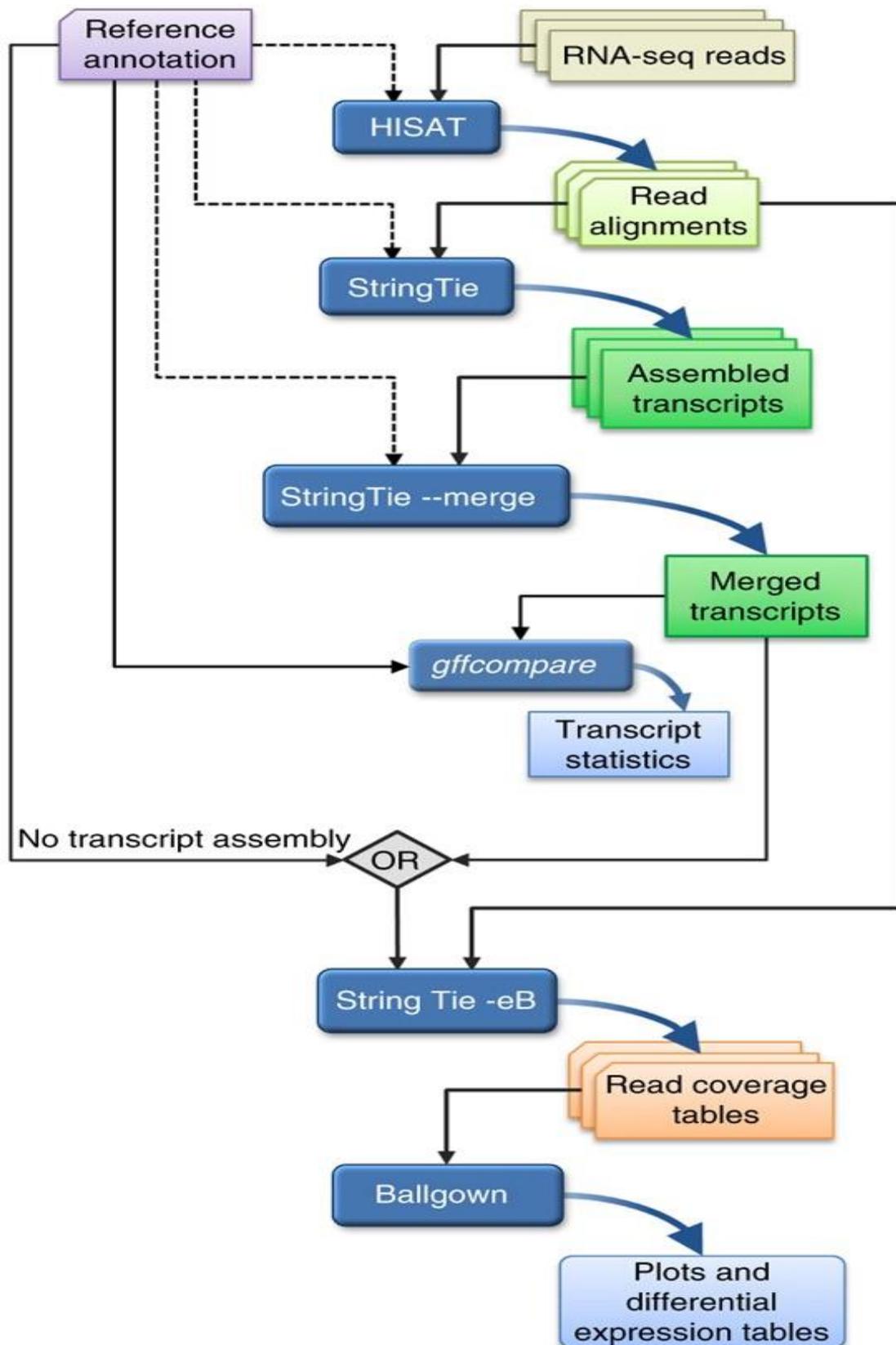


Figure 24 Schéma représentatif des étapes de l'analyse transcriptomique afin d'étudier l'expression des séquences MLE complètes selon Pertea et al. 2016.

Résultats

Chapitre I

Les éléments transposables dans le génome de *Bemisia tabaci* (Hemiptera : Aleyrodidae) et leurs implications potentielles dans la résistance aux insecticides.

I- Annotation des ETs dans les génomes de *B.tabaci*

I-1 Statistiques globales des ETs

La recherche des ETs dans le génome de *B. tabaci* en utilisant REPET a conduit à l'identification de 1 327 236 répétitions potentielles. L'élimination des séquences correspondant à des satellites et des séquences qui ne renferment pas des caractéristiques des ETs a permis de récupérer un total de 1 292 393 copies, représentant 51% du génome entier de *B. tabaci* (Figure 25). Ces éléments ont été regroupés en 4872 lignées, dont 699 appartiennent à la classe I, 1348 à la classe II, et 2825 qui n'ont pas été catégorisés « uncatégorisé » bien qu'ils aient les caractéristiques des ETs (Tableaux 5 et S1). La majorité de ces lignées, ont été représentées par au moins un FLC. Le total de ces séquences est de 27 599 séquences couvrant plus de 95 % de la séquence consensus de chaque lignée. Les lignées de la classe I sont représentées par 73 223 copies d'ETs couvrant 5,7% de la séquence entière du génome de *B. tabaci*. Les lignées de classe II sont représentées par 213 958 copies d'ETs, qui couvrent 16,55 % de la séquence génomique de *B. tabaci*.

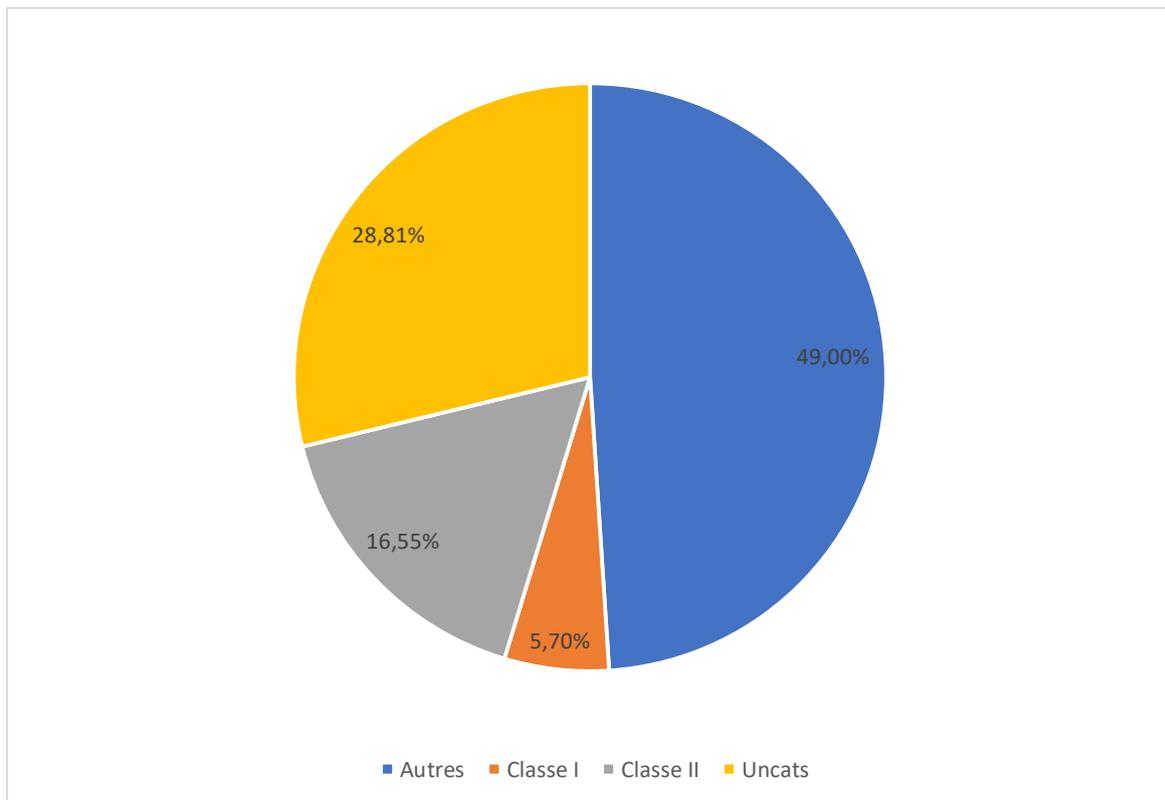


Figure 25 Répartition du génome de *B. tabaci*

I-2 Les éléments de la classe I

Les éléments de la classe I ont été classés en six ordres en fonction de leurs caractéristiques structurales. L'ordre des LINEs réunit le plus grand nombre d'éléments de cette classe avec 43 262 copies des ETs et a révélé une grande diversité, représentée par au moins 12 superfamilles différentes (Tableau 5). La superfamille *RTE* représente la grande majorité des éléments LINEs avec 14,232 copies (211 FLC) regroupés en 34 lignées, suivis par la superfamille *Jockey* avec 4909 copies (202 FLC) rassemblées dans 87 lignées, ce qui indique aussi une grande diversité au sein de cette superfamille (tableau 5). En ce qui concerne, l'ordre des LTRs, les éléments les plus abondants appartiennent aux superfamilles *Gypsy* et *Copia* qui ont un nombre de copies presque identiques de 3797 copies (147 FLC) et 3726 copies (99 FLC), respectivement (Tableau 5). Ces copies sont organisées en 64 lignées pour *Gypsy* et 56 lignées pour *Copia*. La superfamille *Gypsy* a montré une plus grande variabilité entre ses éléments que la superfamille *Copia* (Figure 26).

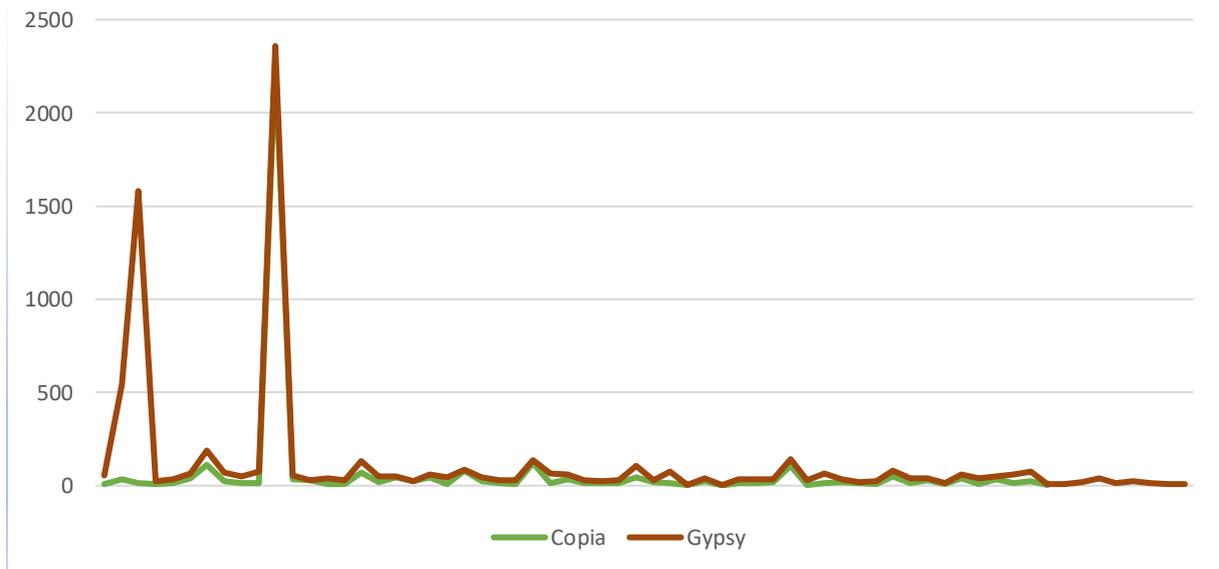


Figure 26 Schéma représentatif de la variabilité des superfamilles *Copia* et *Gypsy*. La courbe montre la distribution des lignées en fonction des copies de chaque superfamille.

Tableau 5 Statistiques globales des éléments transposables du génome de *B.tabaci*

Classes	Couverture génomique %	Ordre	Superfamille	Nbr. de copies	Nbr. de lignées	Nbr. de FLC*	Pourcentage %		
Class I	5,7	LTR							
		<i>Gypsy</i>		3 797	64	147	0,294		
		<i>Copia</i>		3 726	56	99	0,288		
		<i>Bel-Pao</i>		143	64	101	0,011		
		PLE							
		<i>Penelope</i>		6 993	27	52	0,541		
		LINE							
		<i>RTE</i>		14 232	34	211	1,101		
		<i>Jockey</i>		4 909	87	202	0,380		
		<i>R2</i>		2327	12	22	0,180		
		<i>R1</i>		1015	23	50	0,079		
		<i>Nimb</i>		952	7	11	0,074		
		<i>I</i>		931	13	27	0,072		
		<i>SART</i>		696	14	25	0,054		
		<i>Waldo</i>		197	3	5	0,015		
		<i>L1</i>		170	1	2	0,013		
		<i>Vingi</i>		108	2	3	0,008		
		<i>Loa</i>		62	3	5	0,005		
		<i>Hope</i>		24	1	3	0,002		
		<i>Unclassified</i>		17 698	64	179	1,369		
		SINE							
		<i>5S</i>		385	2	3	0,030		
		<i>Unclassified</i>		2634	40	112	0,204		
		TRIM		TRIM	11 424	117	319	0,884	
		LARD		LARD	859	6	14	0,066	
		Class II	16,55	TIR					
				<i>hAT</i>		5 797	35	110	0,449
<i>Tc1-Mariner</i>				5 038	52	407	0,390		
<i>Mutator</i>				1640	46	124	0,127		
<i>Academ</i>				1097	9	42	0,085		
<i>Ginger</i>				292	5	27	0,023		
<i>P</i>				135	7	10	0,010		
<i>CACTA</i>				134	6	9	0,010		
<i>PiggyBac</i>				117	2	4	0,009		
<i>Sola</i>				93	2	9	0,007		
<i>Transib</i>				52	2	3	0,004		
<i>Merlin</i>				23	1	3	0,002		
<i>PIF-Harbinger</i>				6	1	1	0,000		
<i>Unclassified</i>				106 644	566	5 239	8,252		
Crypton				Crypton	8	1	2	0,001	
Helitron				Helitron	1723	21	95	0,133	
Maverick				Maverick	6 723	28	51	0,520	
MITE				MITE	84 436	564	9 393	6,533	
UnCats	28,81					1 005 212	2825	10 478	77,779

*FLC: le full Length Copy est une copie qui couvre plus de 95 % du consensus correspondant.

I-3 Les éléments de la classe II

Les propriétés structurelles des éléments de la classe II, telles que les répétitions terminales, la duplication du site cible, et les caractéristiques des domaines protéiques, ont été utilisées pour les répartir en cinq ordres différents, à savoir l'ordre des Crypton, des Helitron, des MITEs, des Maverick et des TIRs (Tableau 5). L'ordre des TIRs comprend le plus grand nombre de copies d'éléments de la classe II, représenté par 121,068 copies des ETs, ce qui indique une large variabilité, caractérisée par au moins 12 superfamilles différentes (Tableau 5). La distribution des éléments dans cet ordre a montré que la superfamille *hAT* possède 5797 copies (110 FLC) regroupées dans 35 lignées, suivie par la superfamille *Tc1-Mariner* qui compte 5038 copies (407 FLC) rassemblées dans 52 lignées (Tableau 5). Les superfamilles *Mutator* et *Academ* ont chacune un grand nombre de copies avec 1640 (124 FLC) et 1097 (42 FLC) copies respectivement (Tableau 5). Ces copies sont réparties en 46 lignées *Mutator* et 9 lignées *Academ*. Toutes ces superfamilles présentent une variabilité entre leurs copies, à l'exception de la superfamille *Academ*, qui présente des copies homogènes (Figure 27).

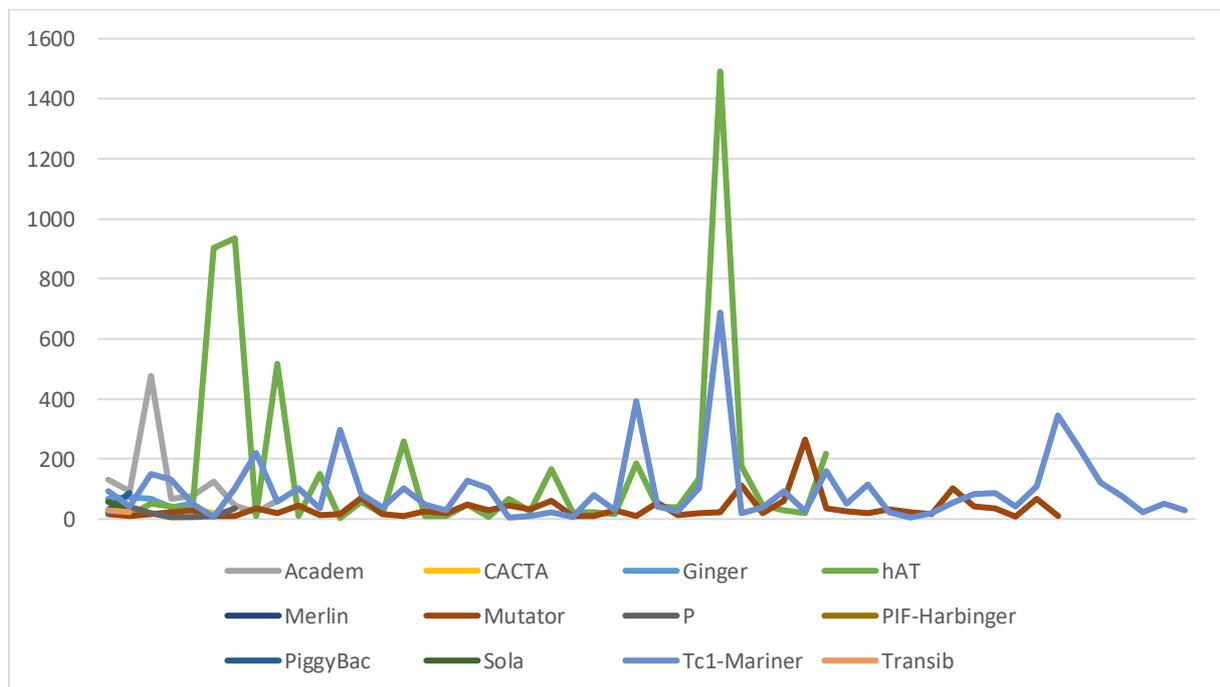
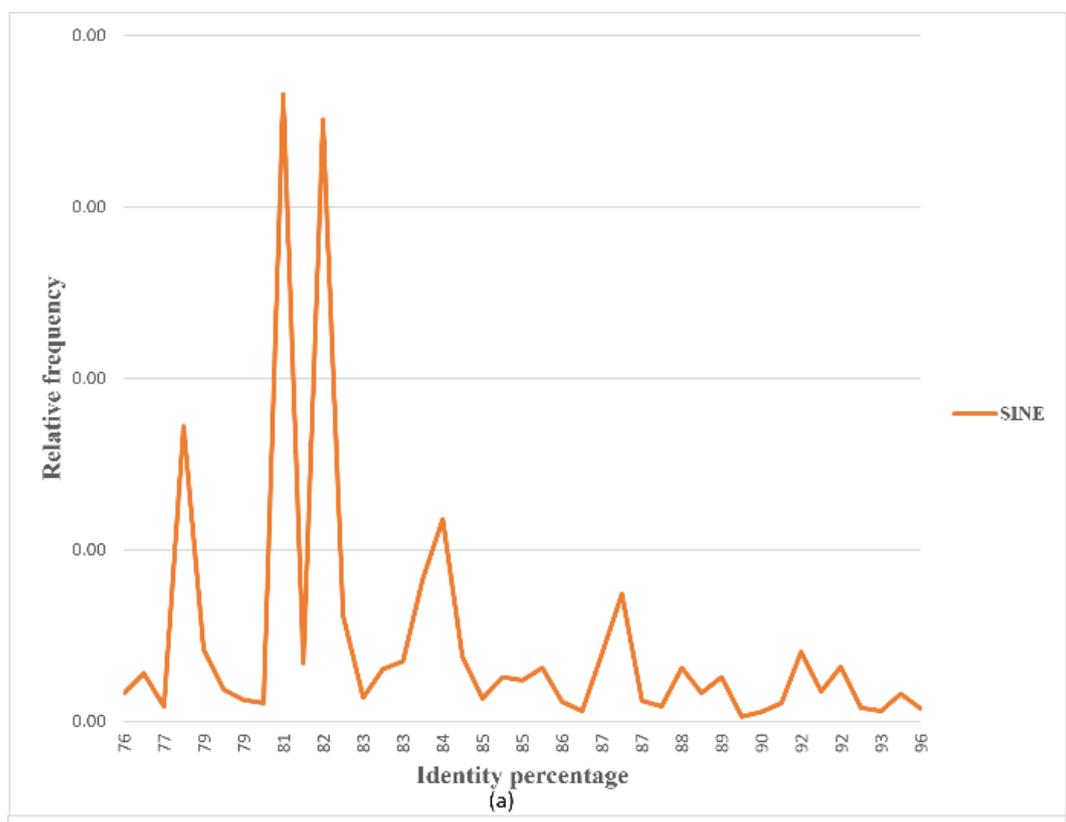
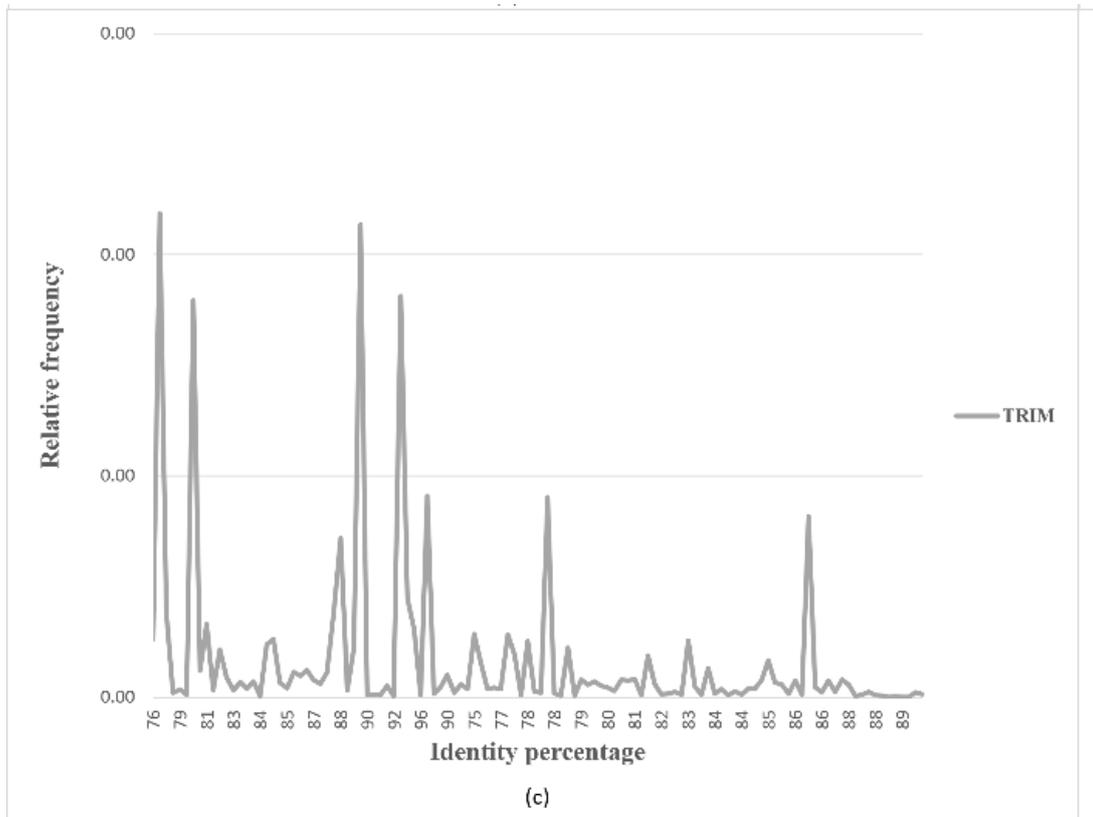
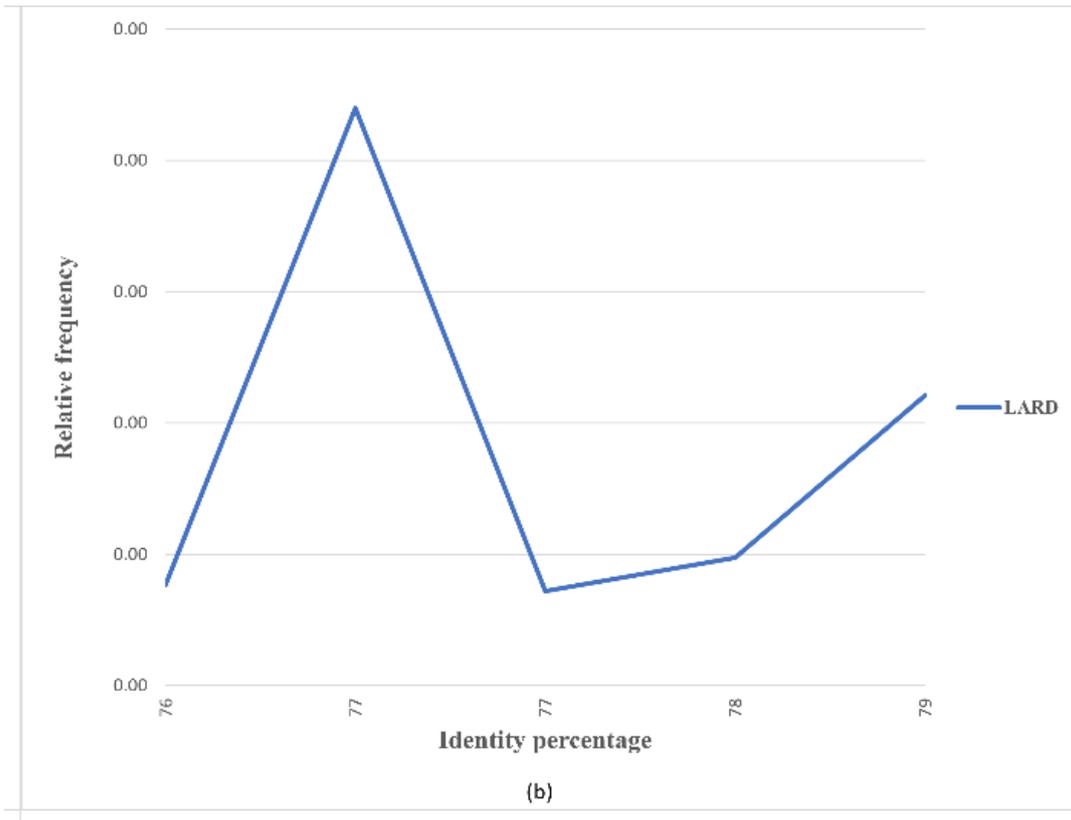


Figure 27 Schéma représentatif de la variabilité des superfamilles de l'ordre des TIR. La courbe montre la distribution des lignées en fonction des copies de chaque superfamille.

I-4 Les éléments transposables en miniatures

Les éléments transposables miniatures (mTEs), dont les SINEs et les TRIMs appartenant à la classe I et les MITEs à la classe II, sont présents dans le génome de *B.tabaci* avec un nombre élevé de copies. Les SINEs et les TRIMs sont représentés par 3019 copies organisées en 42 lignées et 1142 copies réparties en 117 lignées, respectivement (Tableau 5). En ce qui concerne les éléments LARDs, ils sont représentés dans le génome par 859 copies, qui appartiennent à 6 lignées différentes. Ce groupe d'éléments a montré une distribution homogène (Figure 28, Tableau 5). Le groupe des MITEs renferment le nombre de copies le plus élevé, correspondant à 84,436 copies, regroupées dans 564 lignées (Tableau 5). Ce groupe a montré la plus grande variabilité des copies parmi toutes les mTEs identifiés.





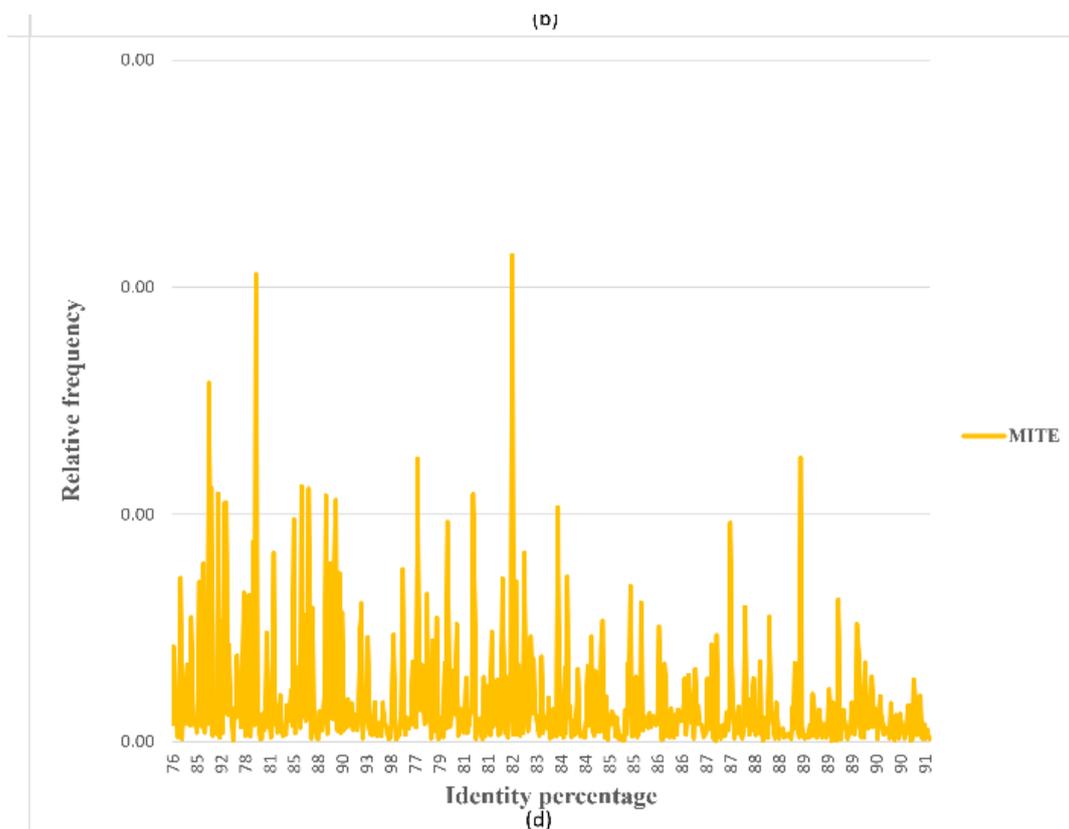


Figure 28 Distribution des valeurs d'identité entre les copies des mTEs et les séquences FLC. Les fréquences relatives en fonction des pourcentages d'identité des (a) Short Interspersed Nuclear Elements (SINEs), (b) Large Retrotransposon Derivatives (LARDs), (c) Terminal repeat retrotransposons in miniature (TRIMs), et (d) Miniature Inverted-repeat Transposable éléments (MITE) sont représentés par des couleurs différentes.

La grande majorité des ETs identifiés n'ont pas pu être classés et ne présentaient pas de similarité significative avec les ETs de références présentes dans les bases de données Repbase ou Pfam et les profils HMM. Ces éléments ont été nommés « unclassified » (UnCats). Ces derniers ont été distribués sur 2825 lignes, qui couvrant 28,81% de la séquence génomique et 77,78% du répertoire .

II- Étude de la dynamique des ETs

II-1 Étude des sites d'insertion des ETs

La recherche des sites d'insertions des ETs dans/ou à une distance de moins de 2 kb des gènes de défense associés à la résistance aux insecticides a révélé 94 sites d'insertion à l'intérieur ou à proximité de 74 gènes codant des enzymes de détoxification sur un total de 647 gènes de défense identifiés dans le génome de *B. tabaci* (Tableau S2). Les gènes de défense affectés par le plus grand nombre d'insertions des ETs sont représentés au niveau de la Figure 29. Un total de 44 insertions a été trouvé parmi les 33 gènes codant la protéine de liaison appelée phosphatidyléthanolamine (PEBP), dont 35 insertions à l'intérieur du gène, cinq en amont et quatre en aval. Un total de 22 insertions a été trouvé au niveau des 21 gènes de cathepsine, dont 14 insertions dans le gène, une en amont et sept en aval. Par ailleurs, le génome de *B. tabaci* a révélé 13 insertions parmi les 11 gènes de l'UDP-Glucuronosyl-Transférase (UGT), dont 12 dans le gène lui-même et une en amont. Quatre insertions ont également été trouvées dans les gènes des transporteurs ABC, trois à l'intérieur du gène et un en aval. Enfin, 10 insertions d'ETs ont été identifiées dans les cinq gènes de carboxylestérase (CCE), à l'exception d'une insertion située à 270 pb en amont du gène CCE. Les ETs impliqués sont des membres des superfamilles *Tc1-mariner*, *hAT*, *RTE*, *Copia*, *Academ*, *Maverick*, *Mutator*, *Gypsy*, *Bel-Pao*, *Jockey*, *Sola*, *I*, *L1*, *Penelope*, et *Helitron*.

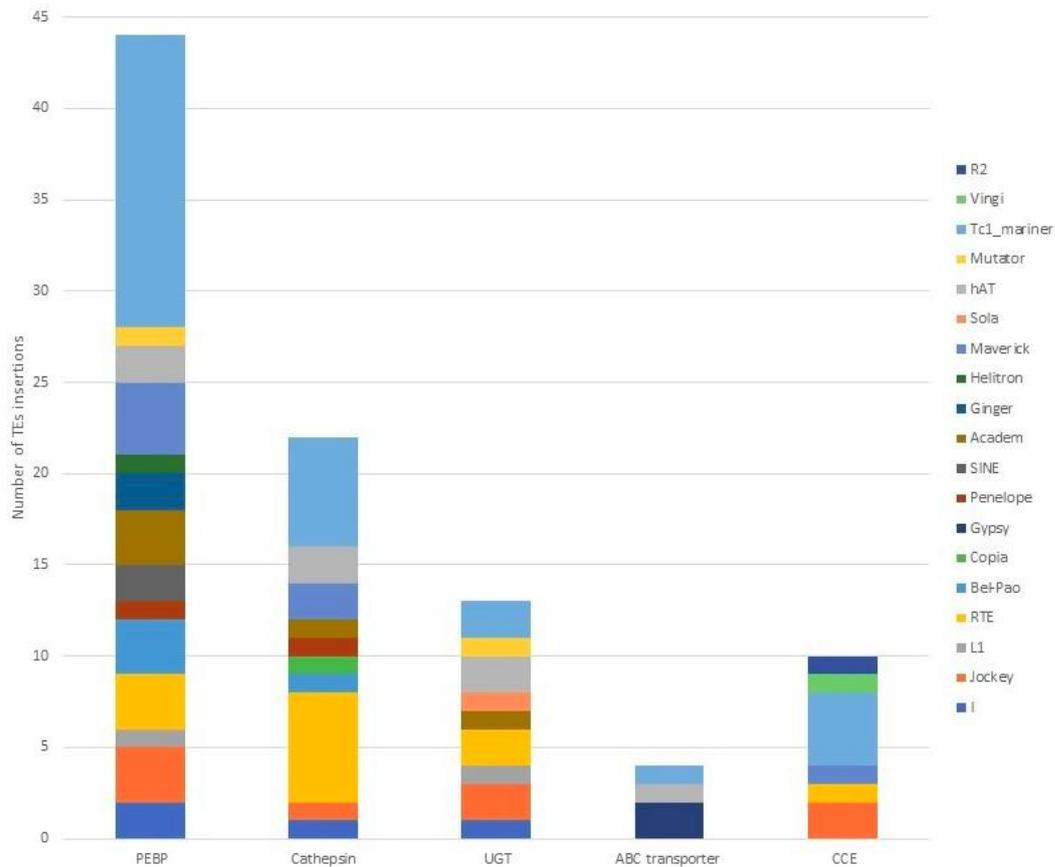


Figure 29 Nombre des insertions ETs identifiées dans les familles de gènes de la protéine de liaison de la phosphatidyl-éthanolamine (PEBP), de la cathepsine, de l'UDP-Glucuronosyl-Transférase (UGT), du transporteur ABC et de la Carboxylestérase (CCE) dans le le génome de *B. tabaci*.

Dans une étude antérieure l'équipe de Chen et al. (2016) ont identifié 238 gènes de défense exprimés de manière différentielle en réponse au traitement insecticide (Chen et al., 2016). Afin d'étudier l'implication des insertions des ETs dans la résistance aux insecticides chez *B. tabaci*, ces dernières ont été recherchées parmi ces gènes différentiellement exprimés (DGEs) précédemment identifiés par Chen et al. (2016). Les résultats ont révélé six insertions des ETs à l'intérieur ou en amont de ces DEGs (Figure 30).

Les éléments impliqués dans ces insertions appartiennent aux superfamilles *Tc1-mariner* et *Academ* dans les gènes PEBP, *Copia* dans le gène de la cathepsine B, couvrant tout le second exon et des parties des introns qui le flanquent. Un élément hAT dans le gène de la cathepsine L-Like et deux insertions des éléments hAT et RTE en amont des gènes de la cathepsine F-Like et de la cathepsine B, respectivement ont été identifiées (Figure 30).

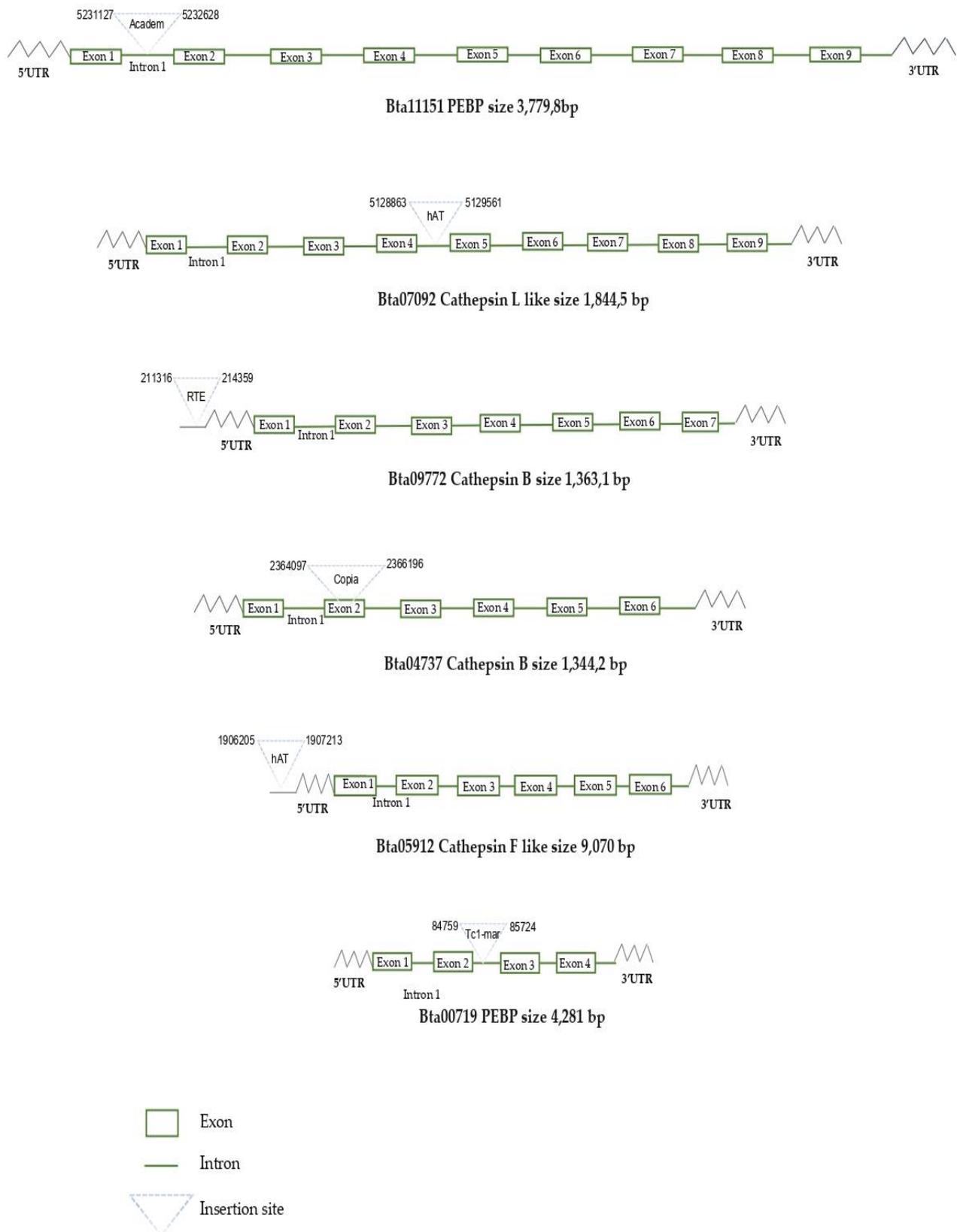


Figure 30 Représentation schématique des insertions d'ETs dans les six gènes de défense différemment exprimés chez *B. tabaci* sous traitement insecticide.

II-2 Estimation de l'âge des ETs

L'estimation de l'âge des ETs et la datation des événements de transposition ont été effectuées selon les modèles statistiques proposés par Dai et al. (2018). Il s'agit d'une estimation améliorée de la distribution de l'âge qui tient compte des mutations aléatoires, ainsi que d'un ajustement par le taux de délétion, pour calculer le taux d'insertion. Cette analyse a montré que le génome de *B. tabaci* a subi plusieurs « burst » récents de différentes superfamilles des ETs montrant son accessibilité.

L'estimation de l'âge des ETs a révélé une distribution d'âges variée, selon les superfamilles qui remonte à 14 millions d'années (MYA) (Figures 31 et 32). La première invasion du génome de *B. tabaci* a commencé par l'insertion des éléments Mutator appartenant à l'ordre des TIRs, suivis par l'insertion des éléments Ginger vers 8,4 MYA. Dans la période du 5,8 à 7,8 millions d'années, des invasions appartenant à de multiples familles de l'ordre des LINEs se sont produites, en plus d'une nouvelle invasion par des éléments de la famille Ginger (ordre des TIRs, 6 MYA) et l'apparition des éléments Bel-Pao de l'ordre des LTRs (6,5 MYA). Les Helitron et le LINE-Vingi sont apparus, il y a 5,5 millions d'années. Durant presque la même période (5,2 millions d'années) les éléments Academ et Mutator appartenant aux TIRs sont également apparus.

Après la première vague des LINE-Waldo, qui s'est produite il y a 7,8 MYA, une deuxième vague des LINE-Waldo s'est produite 3 MYA après. Ensuite, entre 4 et 4,8 MYA, de nombreux événements de transposition de Tc1-mariner, hAT, RTE et Maverick ont eu lieu. Après, les invasions de Copia et de Gypsy sont survenues, suivies par l'invasion des LINE-SART. Les éléments Nimb et Jockey de l'ordre des LINEs, et les éléments Penelope, se sont produits à 2 MYA. Six vagues d'invasions des ETs ont été détectées depuis 1,7 MYA, parmi lesquelles deux appartenant à des Maverick et Bel-Pao qui se sont déroulées simultanément à 1,5 MYA. Les deux pics les plus récents sont ceux des invasions des éléments TIR-Sola et LINE-R1 qui ont été observées à 0,2 et 0,8 MYA, respectivement.

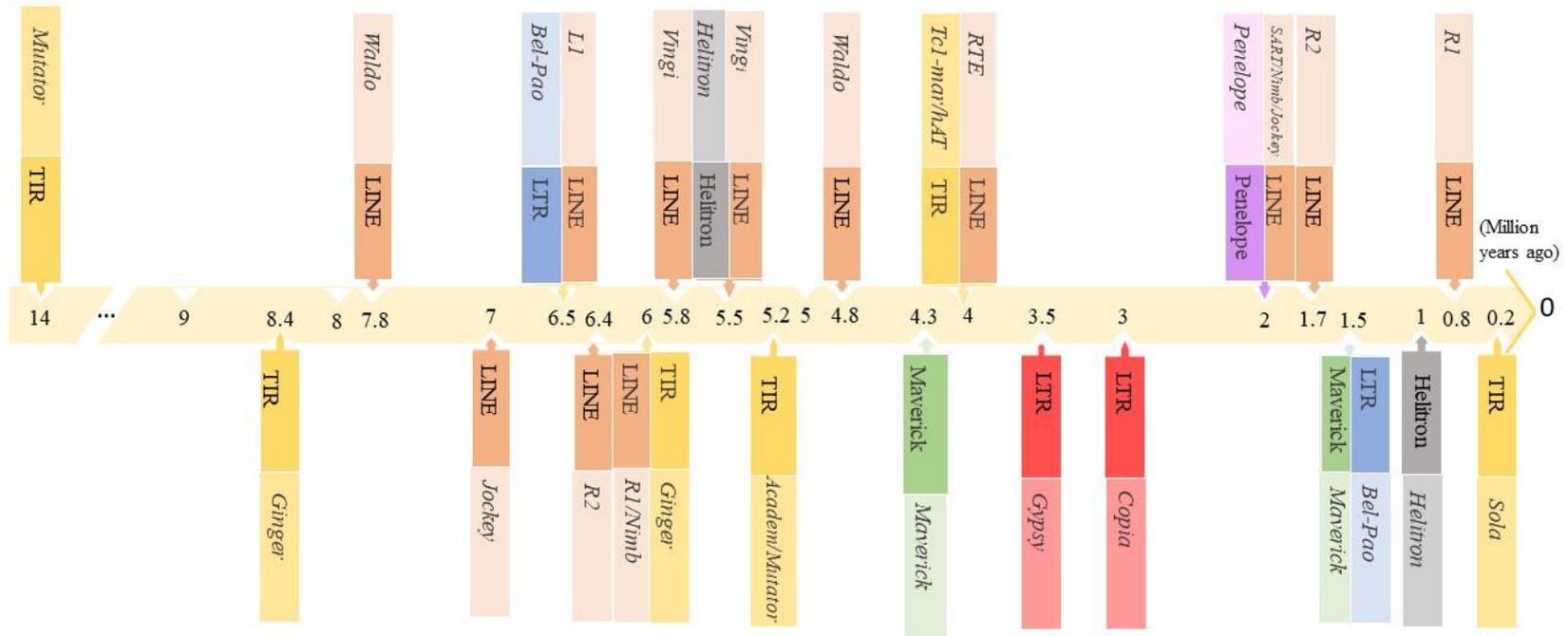


Figure 31 Chronologie de la distribution de l'âge des ETs dans le génome de *B. tabaci*. Les étiquettes représentent le pic d'activité des ETs.

Age distribution

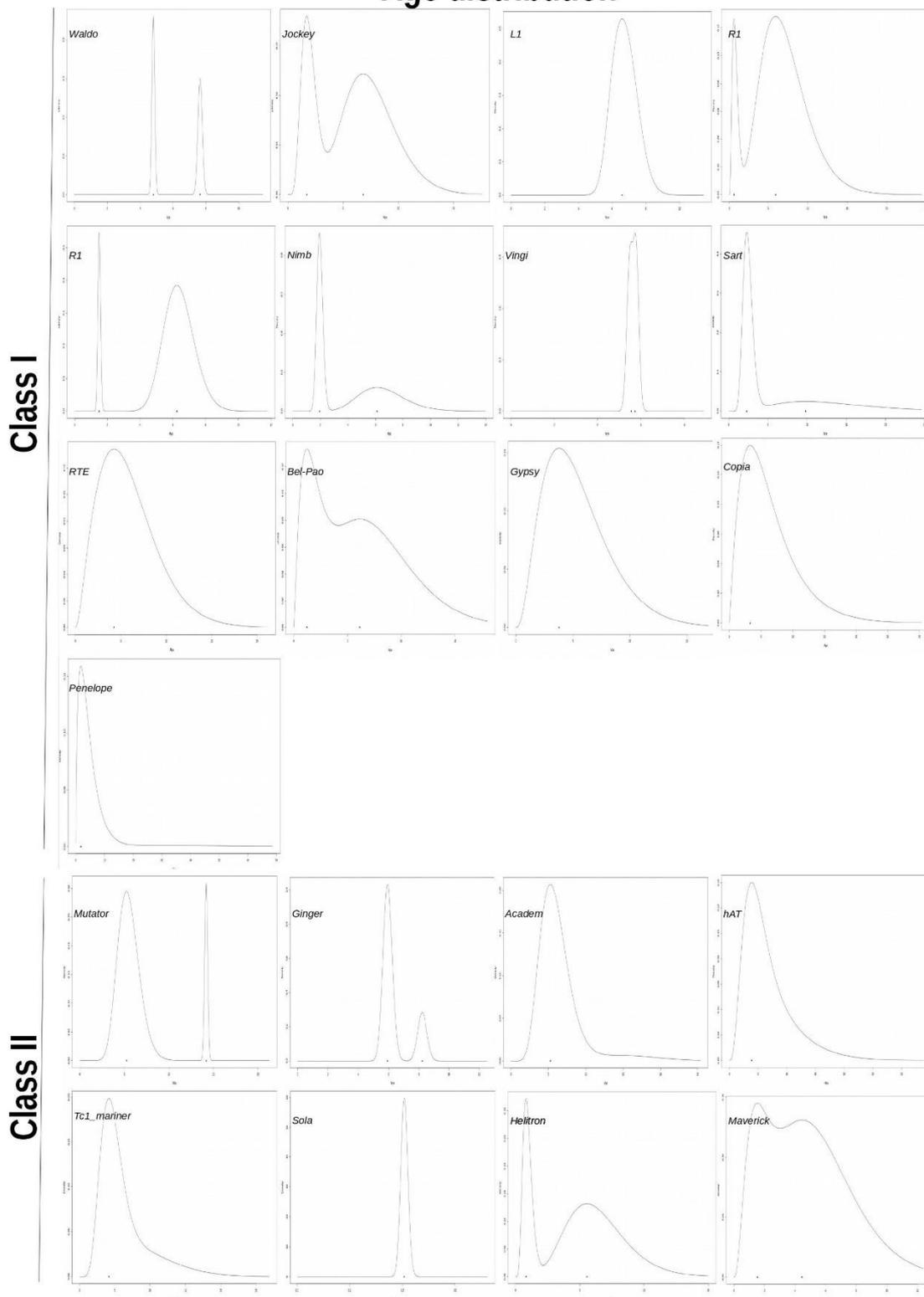


Figure 32 Des courbes représentatives de la Distribution de l'âge des éléments de la classe I et de la classe II en millions d'années du génome de *B. tabaci*,

Chapitre II

Caractérisation à l'échelle du génome des transposons de type Mariner et leurs MITEs dérivés chez l'aleurode *Bemisia tabaci* (Hemiptera : Aleyrodidae)

I- Identification et caractérisation des ETs de la famille mariner chez *B.tabaci*

La recherche des MLEs dans le génome MEAM1/B a conduit à l'identification de 550 séquences. La masse génomique totale de tous les MLEs est de 0,6 Mb, soit environ 0,1% de la taille du génome de *B. tabaci* qui est de 615 Mb. L'investigation de la base de données NCBI à l'aide de l'algorithme BLASTX a montré que 294 des éléments identifiés partagent une meilleure identité en acides aminés avec les éléments mauritiana (supérieure à 44%) tandis que les 256 éléments restants partagent une meilleure identité en acides aminés avec les éléments irritans (supérieure à 52%).

Pour confirmer ces derniers résultats, une analyse phylogénétique de maximum de vraisemblance des séquences d'acides aminés reconstruites de chaque lignée a été réalisée (Figure 33). Pareillement, des éléments Mariner de *B. tabaci* ont été trouvés dans les sous-familles mauritiana et irritans de référence, indiquant un polymorphisme significatif entre les différentes lignées de chaque sous-famille.

I-1 Identification et caractérisation des éléments de la sous-famille *mauritiana*

Le regroupement des MLEs de mauritiana a donné lieu à 6 copies uniques, nommées Btmar1.1 à Btmar1.6, et à 10 lignées différentes, nommées Btmar1.7 à Btmar1.16 (Tableau 6). L'analyse de regroupement à l'aide de l'outil Cytoscape a montré que la majorité des éléments mauritiana étaient regroupés dans les lignées Btmar1.7 (89 copies) et Btmar1.8 (76 copies) (Tableau 6). Ces éléments ont une taille comprise entre 631 et 986 pb. Toutes ces copies sont défectueuses à cause de mutations dans leurs ORFs, qui codent une transposase tronquée représentant un seul motif catalytique muté. La plupart des éléments des lignées Btmar1.7 et Btmar1.8 ont des LTIRs de 125 pb de long et sont flanqués de TSD TA.

Les autres copies de mauritiana sont également défectueuses. Cependant, la plupart de leurs séquences codantes de transposase conservent le deuxième et le troisième acide aspartique du motif catalytique DD34D. Certains éléments ont les deux LTIR conservés, dont la taille varie de 125 à 459 pb. Alors que d'autres éléments sont des copies tronquées avec une seule séquence terminale, dont la taille varie de 122 à 438 pb. Le reste des séquences est constitué de fragments qui ne renferment pas des LTIRs reconnaissables, ce qui suggère qu'ils sont anciens et dégénérés. Ces LTIRs pourraient être flanqués ou non de TSD TA. Toutes les

séquences de mauritiana décrites sont tronquées à l'exception notable de Btmar1.1, qui est un MLE complet (Tableau 6).

Tree scale: 1

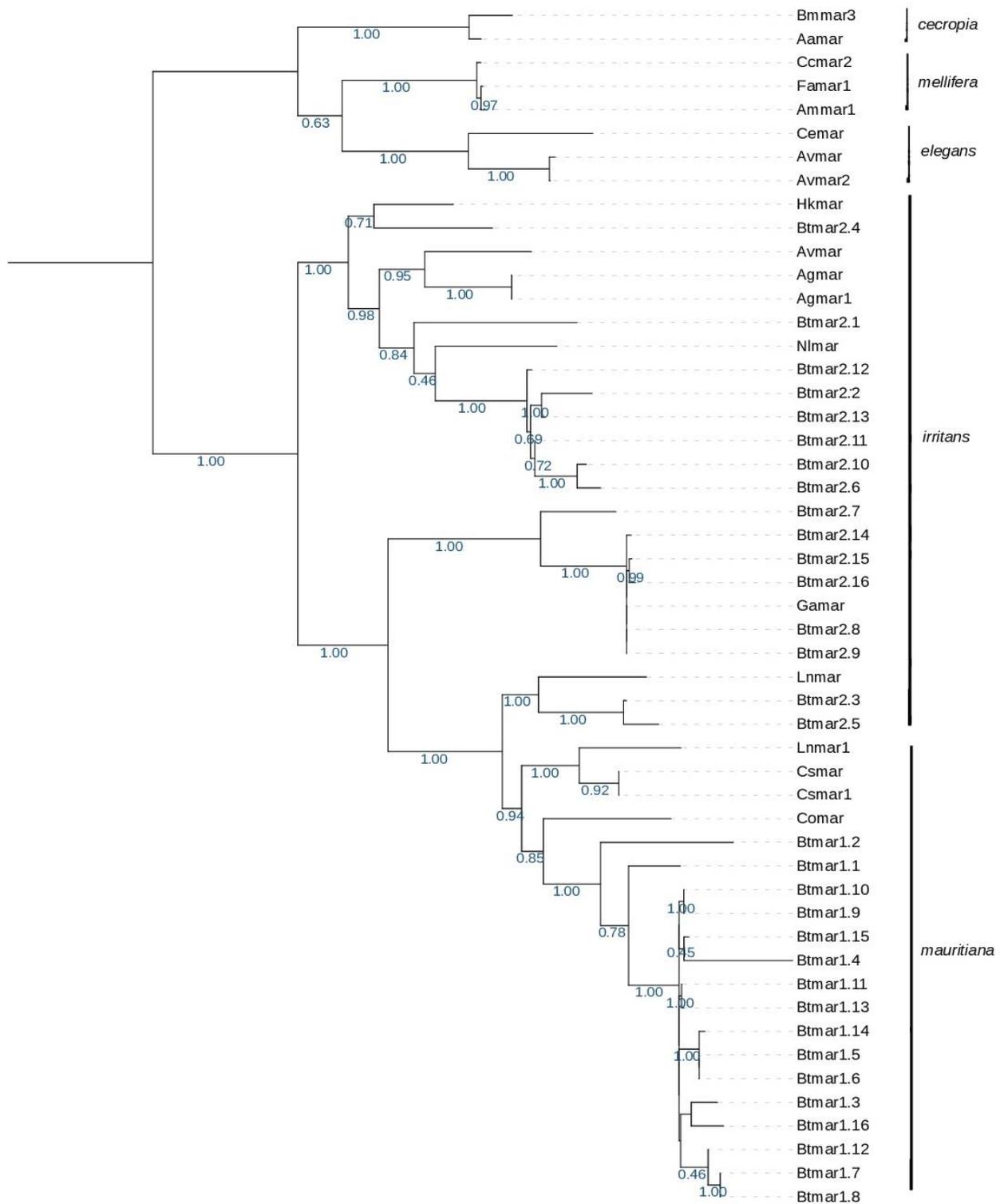


Figure 33 Relations phylogénétiques basées sur les séquences d'acides aminés reconstruites de chaque lignée des MLEs identifiés et les séquences de référence connues des éléments mariner. L'arbre a été inféré en utilisant la méthode du maximum de vraisemblance avec un bootstrap allant de 0 à 1.

Tableau 6 Caractéristiques des transposons de type mariner de la sous-famille mauritiana dans le génome de l'aleurode *B. tabaci*

	Noms	Nbr de copies	Taille des séquences (bp)	Motifs des transposases	Tailles des TIR (bp)	TSD
<i>Copies uniques</i>	<i>Btmar1.1</i> ^a	1	1,573	TGDE-HDNA-YSPDLAPAD	5':180 3':180	5': TA 3': TA
	<i>Btmar1.2</i>	1	1,325	TGDE-HDNA-YSPDLAPAD	5':217 3':217	5': TA 3': TA
	<i>Btmar1.3</i>	1	1,225	YSPDLVPCD	5':287 3':282	-
	<i>Btmar1.4</i>	1	1,118	HHHA-PLPLIHLTLLLV	5':308 3':296	-
	<i>Btmar1.5</i>	1	654	HDNA-YSPDLAPCD	5':343 3':23	-
	<i>Btmar1.6</i>	1	1,188	HDNA-YSPDLAPCD	5':446 3':448	5': - 3': TA
<i>lingnées</i>	<i>Btmar1.7</i>	89	631-986	FGDN	5':125 3':125	5': TA 3': TA
	<i>Btmar1.8</i>	76	757-978	FGDN	5':125 3':125	5': TA 3': TA
	<i>Btmar1.9</i>	34	535-657	DLAPCD	5': 130 3': -	5': TA 3': -
	<i>Btmar1.10</i>	33	528-703	DLAPCD	5': - 3':438	5': - 3': TA
	<i>Btmar1.11</i>	23	731-1193	HDNA-YSPDLAPCD	5':439 3':440	5': TA 3': -
	<i>Btmar1.12</i>	17	642-966	FGDN	5':125 3':125	5': TA 3': TA
	<i>Btmar1.13</i>	7	793-1,177	HDNA-YSPNLAPCD	5':444 3':227	5': TA 3': -
	<i>Btmar1.14</i>	4	554-700	HDNA-YLSD	5':122 3': -	5': TA 3': -
	<i>Btmar1.15</i>	3	1,216-1,194	HDNA-YSPDLAPCD	5':459 3':459	5': TA 3': TA
	<i>Btmar1.16</i>	2	1,586-1,705	TGDE-HDNA-CSPDLAPCD	-	-

^a Copie complète.

I-2 Analyse des caractéristiques de Btmar1.1

L'élément mauritiana Btmar1.1 est placé sur le scaffold 26,953 et s'étend de la position 130,789 à la position 132,365. Cet élément a révélé un ORF d'une taille de 1077 pb, codant une protéine putative de 358 acides aminés. La comparaison de la séquence de cette protéine avec celles de la base de données a révélé des identités avec diverses transposases MLEs, et la meilleure identité était supérieure à 53% avec l'élément mauritiana de *Cryptotermes secundus* (Sequence ID : PNF20350.1). Comme le montre les figures 34 et 35, la transposase potentielle Btmar1.1 présente les trois motifs catalytiques TGDE, HDNA, YSPDLAPAD dans le domaine C-terminal et un motif WVPREL légèrement différent (LVPRLl dans Btmar1.1), un possible NLS et un motif HTH dans le domaine N-terminal. L'ORF de la transposase Btmar1.1 est flanqué de 5' et 3' UTRs, de LTIRs presque parfaits de 180-bp, qui montrent 11 substitutions distribuées tout au long des LTIRs, et de TSD TA.

I-3 Identification et caractérisation des éléments de la sous-famille *irritans*

La clusterisation des MLEs d'irritans a donné lieu à sept copies uniques, nommées Btmar2.1 à Btmar2.7, et neuf lignées différentes, nommées Btmar2.8 à Btmar2.16 (Tableau 7). La majorité des éléments irritans ont été regroupés dans les lignées Btmar 2.8 (120 éléments) et Btmar 2.9 (87 éléments) (Tableau 7). La taille de ces éléments varie de 605 à 990 pb. Toutes ces copies sont défectueuses en raison de mutations dans leurs ORF, qui codent une transposase tronquée qui ne possède que les deux derniers motifs catalytiques QDNA et YSPDLAPCD. La plupart des éléments des lignées Btmar2.8 et Btmar2.9 ont des LTIRs de 210 pb et sont flanqués par des TSD TA. Les autres copies irritans sont également tronquées et ont généralement soit des LTIRs des deux côtés avec une taille allant de 200 à 237 pb, soit des TIR mutés d'un côté avec une taille allant de 27 à 197 pb. Quelques exceptions ont été notées au niveau des éléments suivants : Btmar 2.7, qui n'a pas de TIR, Btmar2.3 et Btmar2.4, qui ont des TIR typiques de 11 et 28 pb, respectivement, mais mutés, et enfin Btmar2.1, qui est un MLE complet (Tableau 7).

¹ TACGAGGCTCTGTAGATTAGAAACCGGATTTTGGTGATAACAGGCGCATCCTGCGTCC 60
 GAATGCAATTTTCTTGGACTTATCAGAAAGCTGATAATCTACTAAAGAAAGACTACGTTC 120
 CAGATCTAGATTATCTCAATTAGTAATCATTTGGTGACAGGTTGAAGTTGGGTAAGTCAG 180
 M R L L L E Q R Y N I K F
 TACCGTTTTGCGATTTTACCATGCGGTTACTTTTAGAGCAACGGTACAACATTAAGTTT 240
 C Y K L G I P C T E T F D M L Q K V Y E
 TGTTATAAACTCGGTATTCTTGTACCGAACTTTTGATATGTTACAGAAAGTTACGAG 300
 G T C M S R T Q C Y E W F **K R F K** S G Q
 Bipartitenuclear localization signal
 GGCAC TTGTATGAGTCGCACTCAGTGTATGAGTGGTTCAAAAGGTTTAAAAGTGGTCAG 360
 E S V E D N V H G **I R P S** I A T D I C H
 GAGTCTGTTGAAGATAACGTTACGGGATTCGTCCTCAATAGCGACTGACATTTGTCTAT 420
 V E E V R H K V L E N G R L T V R E L S
 Helix-Turn-Helix
 GTGGAGGAGGTGCGGCACAAAGTGCTTGA AAAATGGCCGTTTAAACAGTTCGTGAACTTTCC 480
 E E C H I S T F S V Y I I L T E H L D M
 GAAGAGTGTCAATTTCAACTTTTTCCGTTTACATAATTTTAAACGGAGCATTTAGACATG 540
 R R V A A K L V P R L L T I E Q K T N R
 CGTCGATCGCAGCAAAACTGTACCGGTTACTGACAATTGAGCAAAAACCAATCGA 600
 V S I C Q D L L S R S I E D P N F V N R
 GTCTCAATTTGCCAGGATCTTCTCAGCCGTTCAATTGAGGACCCAAATTTGTAAACCGA 660
 I I T G D E S W V Y G Y D M E T K A Q S
 ATAATTACTGGTGATGAATCGTGGGTTTATGGTTACGACATGGAAACAAAAGCCCAATCA 720
 S Q W V E K P G V R P K K A R Q V R S K
 TCCCAGTGGGTTGAAAACAGGCGTGAGACCGAAAAGGCGCGACAAGTTCGGTCAAAA 780
 T K V M L T V F F D S Q G V V H K E F L
 ACCAAAGTCAATGTTAACTGTGTTTTTACAGTCAGGGTGTGTCATAAGGAATTTTTTA 840
 P E G Q T V N R Y Y Y N D V L R R L R E
 CCGGAAGGACAACTGTGAATCGCTATTACTATAACGATGTGTTACGTAGATTACGTGAA 900
 N V R R L R P E L W A Q N S W F L H H D
 AATGTTCTGATGATTAAGCCTGAACTTTGGGCTCAGAATTCGTGGTTTCTGCATCAGGAC 960
 N A P A H A S N Q I R E F C E K T G T N
 AATGCCCTGCGCATGCATCGAATCAAATTCGAGAGTTTTGTGAGAAAACAGGCACGAAT 1020
 V L P H P P Y S P D L A P A D F F L F P
 GTCCTACCTCATCTCCATATTCACCGACCTGGCACCTGGGACTTTTTCTATTCCCA 1080
 K L K S V L K G R R F D T V A E I K E N
 AAATTTAAATCAGTGTAAAAGGTCGTCGTTTGTATACGGTAGCAGAAATTAAGGAAAAT 1140
 S L R D L R A I K P E E F Q K S F S K L
 TCTCTGAGAGACTTGCGCGCAATCAAACCTGAGGAGTTCCAAAAGAGTTTCAGCAAATG 1200
 Q R R W Q K C I Q V G G H Y F E G D R I
 CAGCGGCGTTGGCAGAAATGTATCCAAGTCGGAGGTCATATTTTGAAGGAGATAGGATC 1260
 E V P E L *
 GAGGTGCCAGAGTTGTAGTAATTAATTTGTAACAACATAATCAATATTTCTTTGTCA 1320
 ATTTTGTCTAAAAACAATTTTGGCGACTCGATGTTATTTTTTCCTGGAAAATACAGA 1380
 GAAATCGCAAAACGCACCTGACTTACTCAACTTCAACCTGTCACCAAAATGATTATTAAT 1440
 GAGATAATCTAAATCGGTGAACGTAGTCGTCCTCCGTAGATTATCAGCTTTCCAAAAGT 1500
 CCAAGAAAAGTGCATTCGGACGCAGGATGCGCCTGTTATCACCAAAAATCCGGTTTCTAAT 1560
 CTAACAGACCTCGTA 1573

Figure 34 Caractéristiques de la séquence complète de l'élément mauritiana Btmar1.1 (1 573 pb). Les blocs gris foncé aux extrémités de la séquence d'acides nucléiques font référence aux TIR. Les TSD TA sont écrits en caractères gras et sont situés vers l'extrémité extérieure de

chaque TIR. L'ORF de la transposase commence par le codon ATG et fini par un codon stop TAG doublement souligné dans la figure. La séquence putative de la transposase est indiquée au-dessus de l'ORF. Le NLS bipartite est dans des cases blanches, le motif HTH est souligné, les trois motifs de signature du domaine catalytique DD34D sont dans des cases gris clair.

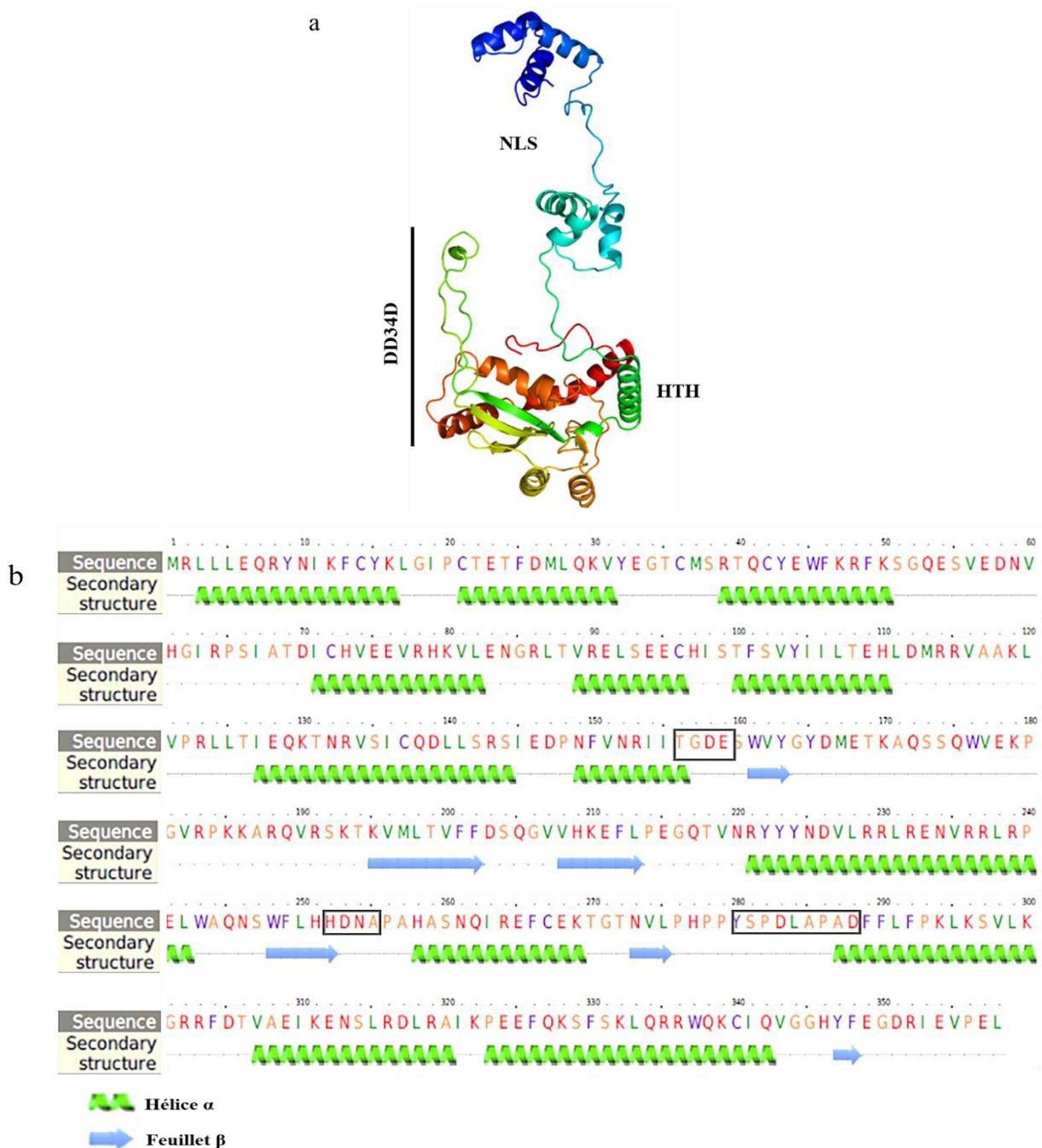


Figure 35 Modélisation de transposase de l'élément complet Btm1.1 chez *B.tabaci*. a : Prédiction de la transposase Btm1.1 du côté N-ter à C-ter (du bleu au rouge), b : séquence protéique de Btm1.1 avec les motifs caractéristiques sont encadrés en noir.

I-4 Caractéristiques de l'élément Btmar2.1

L'élément irritans Btmar2.1 est situé sur le scaffold 831, s'étend de la position 3,236,801 à la position 3,238,607. La comparaison entre Btmar1.1 et Btmar2.1 n'a pas montré de similarité significative au niveau des acides nucléiques alors qu'elle a révélé des régions hautement conservées correspondant aux trois motifs catalytiques. Btmar2.1 est constitué d'un ORF d'une taille maximale de 1092 pb, codant une protéine putative de 363 acides aminés. La comparaison de la séquence de cette protéine avec celles de la base de données a révélé des identités avec différentes séquences de transposases des MLEs et la meilleure identité était supérieure à 48% avec l'élément irritans de l'insecte coléoptère *Anoplophora glabripennis* (Séquence ID : XP_023310047.1). Comme le montre les figures 36 et 37, la transposase putative Btmar2.1 renferme les trois motifs catalytiques TGDE, HDNA et YSPDLAPSD dans le domaine C-terminal et une séquence NLS putative, un motif HTH et le premier motif de signature WVPREL dans le domaine N-terminal. L'ORF de la transposase Btmar2.1 est flanqué de 5' et 3' UTR, de large TIRs de 200 pb presque parfaits, et de TSD TA. Les LTIRs de Btmar2.1 représentent moins de substitutions que ceux de Btmar1.1, qui sont au nombre de quatre aux positions 18, 179, 193 et 198, et une seule délétion d'un nucléotide à la 36^{ème} position du 3' LTIR.

Tableau 7 Caractéristiques des transposons de type marinier de la sous-famille irritans dans le génome de l'aleurode *B. tabaci*

	Noms	Nbr de copies	Taille des séquences (bp)	Motifs des transposases	Tailles des TIR (bp)	TSD
<i>Copies uniques</i>	<i>Btmar2.1</i>^a	1	1,807	TGDE-HDNA-YSPDLAPSD	5':200 3':199	5':TA 3':TA
	<i>Btmar2.2</i>	1	534	QDNA-YSPVLPLSD	-	-
	<i>Btmar2.3</i>	1	1,252	TGDE-HDNA-YSPDLAPCD	5':11 3':11	-
	<i>Btmar2.4</i>	1	1,359	TGDK-HDNA-YSPDLAPSD	5':28 3':28	-
	<i>Btmar2.5</i>	1	515	PDLALCD	5': - 3':197	5': - 3':TA
	<i>Btmar2.6</i>	1	606	YSPMMTHRD	5': - 3':27	5': - 3':TA
	<i>Btmar2.7</i>	1	605	QDNA-YSPDLAPCD	-	-
<i>lingnées</i>	<i>Btmar2.8</i>	120	605-990	QDNA-YSPDLAPCD	5':210 3':210	5':TA 3':TA
	<i>Btmar2.9</i>	87	628-983	QDNA-YSPDLAPCD	5': 210 3': 210	5': TA 3':TA
	<i>Btmar2.10</i>	15	702-1,017	QDNA-SYSPNLAPCD	5': 229 3':225	5': TA 3':TA
	<i>Btmar2.11</i>	13	737-1,018	QDNA-YSPDLTPSD	5':237 3':237	5':TA 3':TA
	<i>Btmar2.12</i>	5	743-996	QDNA-YSPDLPSD	5':233 3':235	5':TA 3':TA
	<i>Btmar2.13</i>	3	986-1,000	QDNA-YSPDLPPSD	5':233 3':233	5':TA 3':TA
	<i>Btmar2.14</i>	2	544-573	QDNA-YSPDLAPCD	5': - 3': 197	5': - 3': TA
	<i>Btmar2.15</i>	2	527-559	YSADLAPCN	5': 197 3': -	5':TA 3': -
	<i>Btmar2.16</i>	2	528-534	NSADLAPCD	5': - 3':197	5': - 3':TA

^a Copie complète.

¹TAAGAGGGGGCGTTCAATGAGTAAGTATCCCCCCCCTCTAAAACTATAAAAAATGGACCA 60
ATTTTAAAAACTGGGCTTAAAACTTCCTTAGGATATCTGAGCTCAACAAAAACAAC 120
CGCACTAAAACTGGACCATTTGCGGGCAACCGGAGCGTTTGAACGCGCCGAAGCGCTC 180
GCCGCTCCCGCCGAATCTGCCTAGCAATCGCAGCTTGGTGTTCAGTTATCACCTTTCTGAG 240
GTAGTGATTTGGATCCTCTCTGCGAGTGGATCACACAATCTGTATTAATCATAAAAAATCAC 300
GGTGATACAGATAACAAGATAACATGAAAAACGCGTTGATAATAATGCCGTGGCATCAT 360
M E L
GAGTCCGAAAAACAATCAGTCTAGTGGCAGCGTTTTTTCACGTGTGCATCATGGAGTTA 420
P L Q I V Q D C E I R A V I R F L S A E
CCGCTTCAAATGTTTCAGGATTTGTGAAATTCGCGCAGTTATTCGGTTTTTAAGTGGCGAA 480
G K T G N A I H R K L V A V Y G A T C M
Helix-Turn-Helix
GGGAAAACCGCAATGCATCCATCGAAAACCTGGTTCGCGGTATACGGTGCAACATGTATG 540
T V C M V R R W V D **Q F K K** G R A D I H
Bipartite nuclear localization signal
ACTGTGTGTATGGTTCGCGCAGATGGGTTGATCAATTCAAAAAGGTCGCGCGGATATCCAC 600
D L Q **R S G R** P C E A I T D D A V E S V
GATCTGCAACGCTCGGGTCCATGTGAAGCCATCACGACGATGCAGTCAATCAGTT 660
E A V I E D N R R V K V K E M K R L L R
GAAGCCGTGATTGAGGACAATCGTCGGGTAAGTCAAAGAAATGAAACGTCTGTACGC 720
E Q Y C I D L S V G S I E T I I H E K M
GAACAATATTGATTTGACCTTCGGTTGGTTCATTGAAACCATTATTCACGAAAAATG 780
F M R K V C A R **W V P R E L** T A A H K A
TTCATGCGTAAAGTTTGTGCTCGTTGGGTGCCGCGCAACTGACTGCAGCTCACAAAGCT 840
Q R V A A G D E F F L Q I K E F G Q E E
CAGCGTAGCAGCAGGAGACGAATTTTCTGCAAATTAAGAATTTGGTCAAGAGGAG 900
V Y Q S I V **T G D E** T W V H H Y T P E T
GTTTACCAAAGTATAGTCACGGGTGATGAAACATGGGTGCATCACTATACTCCTGAAACC 960
K K Q S M S W I G P G E K S P T K F K T
AAGAAACAATCCATGCTTTGGATCGGGCCGGGAGAAAAATCCCCGACGAAGTTCAAACG 1020
Q N S A G K V M L T V F W D A E G V L L
CAAATCTGCGGGAAAGTGATGCTCACAGTTTTTTGGGATGCAGAAGGTGTCTCCTG 1080
E D Y L E K G R T I N A E Y Y C G I L D
GAGGATATCTTGAAAAGGCAGAACAATCAATGCTGAATATTATTGCGGCATTCGGAT 1140
R L R R A I Q N K R R R G K L R R G V L F
CGGTTAAGACGAGCTATCCAGAATAAGCGCCGCGGGAAATGAGACGGGGTGTCTTTTT 1200
L **H D N A** R P H A A A I S K D R L A S F
CTCCACGACAATGCGCGCCACATGCTGCAGCCATTTCAAAGGATCGTTTAGCATCATTC 1260
K W E V F P H P P **Y S P D L A P S D** Y H
AAATGGGAAGTATCCACATCCTCCTTACTCTCTGATTTGGCACCGTCAGACTACCAT 1320
L F P Y L K A E L G G I H F E S V E E L
CTATTTCCGTACCTAAAGGCAGAACTTGGGGGAATTCATTTGAATCCGTAGAAGAGCTT 1380
K Q A V H T E F I S Q P K E F Y A C G I
AAACAAGCCGTCCACACTTCTTCATTAGTCAGCCGAAGGAATTTTACGCGTGTGGCATC 1440
H K L S T R Y R K C L D R A G D Y V E K
CACAAGCTGTCCACTCGGTACCGGAAGTGCTTGGATCGGGCTGGTGACTATGTGGAGAAG 1500
*
TAAGGTAAGCCCCCTATTCTACATATATCTTATTTGTATTTTCGGCAGGGATGAACGATG 1560
GAAGCCTTGGCGAAGAAGCTGCTCTCTTTTCGCTGACTTAAAAATACCCGCGGATTTGGCG 1620
GGAGCGGCGCGCGCTTCGGCGCGTTCAAACGGCTCGCGTTCGGCCGCAAATGGTCCGATT 1680
TTAGTGGCGTTTGTGTTGAGCTCAGAATATCCTAAGGAAGATTTTAAGCCCAAGTTT 1740
TTAAAAATGGTCCATTTTATAGATTTTAGAGGGGGGATACTTACTTATTGAACGCC 1800
CCTCGTA 1807

Figure 36 Caractéristiques de la séquence complète de l'élément irritans Btmar2.1 (1 807 pb). Les blocs gris foncé aux extrémités de la séquence d'acides nucléiques font référence aux TIR. Les TSD TA sont écrits en caractères gras et sont situés vers l'extrémité extérieure de chaque TIR. L'ORF de la transposase commence par le codon ATG et fini par un codon stop TAG doublement souligné dans la figure. La séquence putative de la transposase est indiquée au-

dessus de l'ORF. Le NLS bipartite est dans des cases blanches, le motif HTH est souligné, les trois motifs de signature du domaine catalytique DD34D sont dans des cases gris clair.

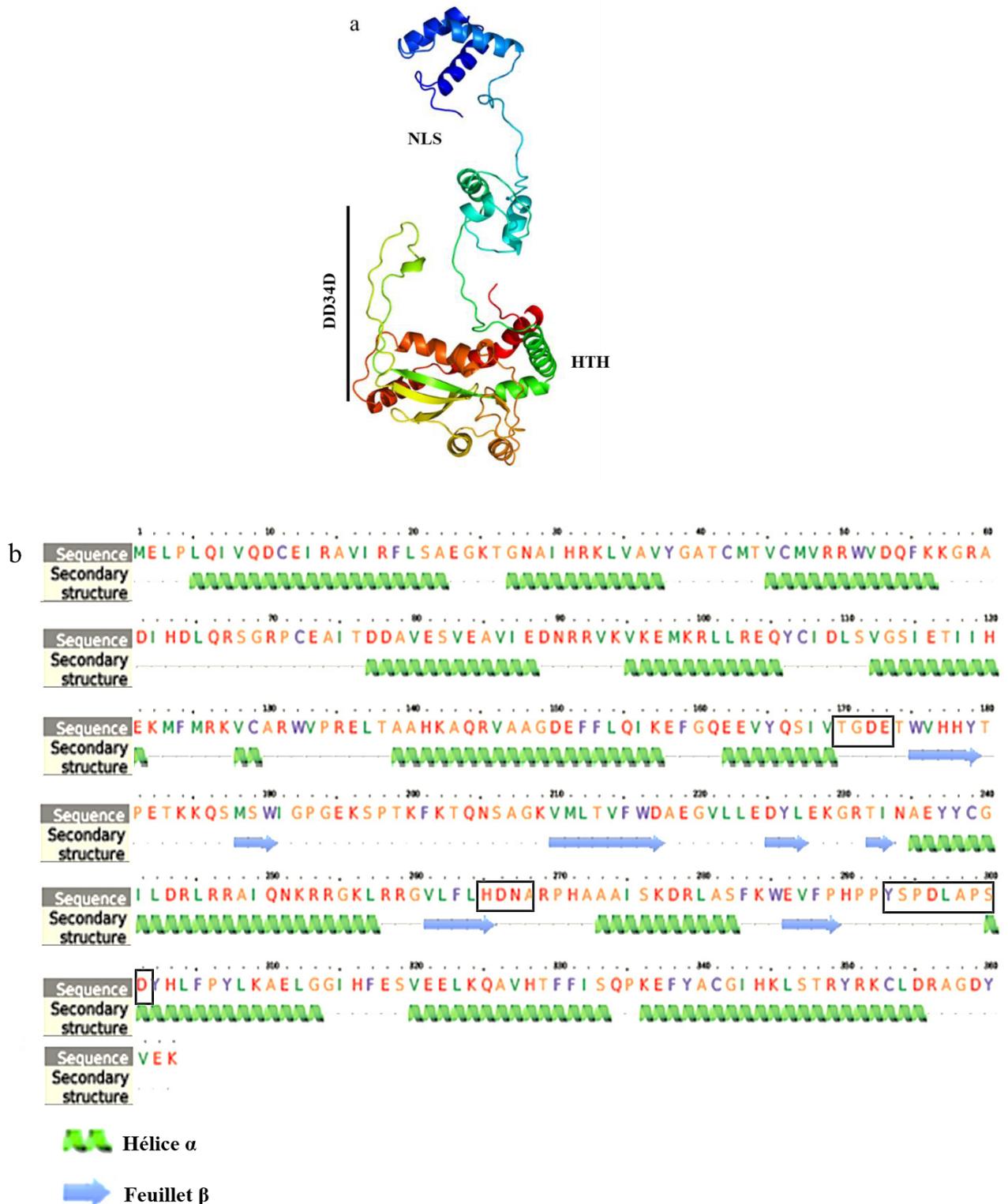


Figure 37 Modélisation de transposase de l'élément complet Btmar2.1 chez *B.tabaci*. a : Prédiction de la transposase Btmar 2.1 du côté N-ter à C-ter (du bleu au rouge), b : séquence protéique Btmar2,1 avec les motifs caractéristiques sont encadrés en noir.

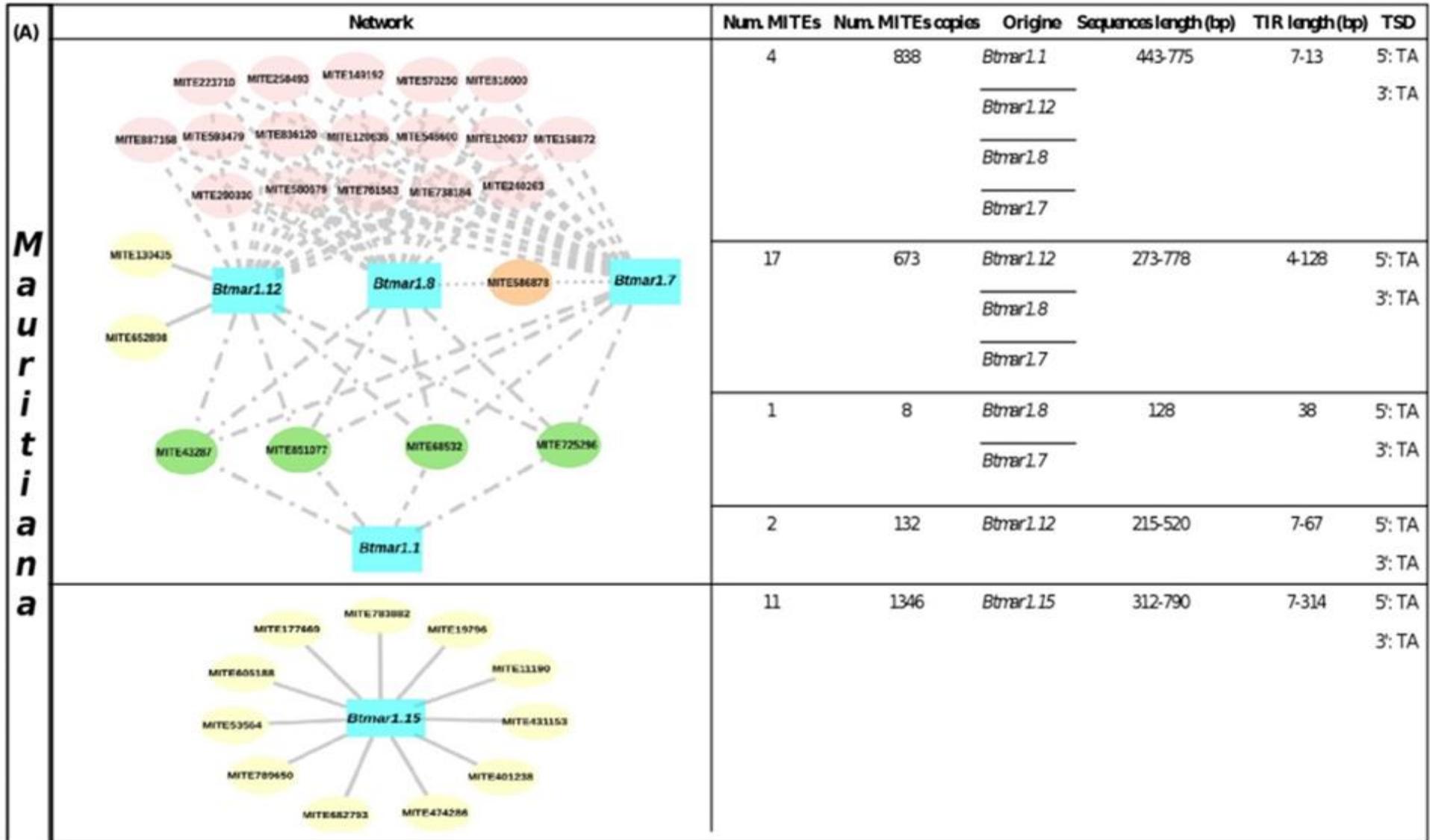
II- Analyse des séquences MITEs dérivant des MLEs

II-1 Détection des séquences MITEs dérivant des MLEs

La recherche des MITEs dans le génome MEAM1/B a conduit à l'identification de 8024 familles de MITEs. Parmi elles, 1030 familles MITEs appartiennent à la superfamille *Tc1/marineur* parmi lesquelles nous avons identifié 71 familles MITEs liées aux séquences MLEs. Ces 71 séquences MITEs présentent 12 605 copies, qui renferment des motifs TSD TA et des TIRs. L'analyse des séquences par BLASTN (e-value < 10⁻¹⁰) a révélé un total de 35 familles MITEs dérivées des éléments mauritiana et un total de 36 MITEs dérivées des éléments irritans.

Les séquences MITEs ont montré différents groupes basés sur leurs séquences TIRs (Figure 38). La plupart des MITEs dérivés des éléments mauritiana proviennent des séquences MLEs mutées appartenant aux lignées Btmar1.7, Btmar1.8, Btmar1.12, et Btmar1.15. Ces éléments possèdent une taille allant de 128 à 790 pb avec des TIRs de 4 à 314 pb. Cependant, la plupart des MITEs dérivés des MLEs irritans proviennent de l'élément complet Btmar2.1. Ces éléments ont une taille allant de 179 à 796 pb avec des TIRs de 8 à 282 pb.

Les alignements de séquences ont révélé que dans tous les MITEs détectés, les 10 premières paires de bases des TIRs sont conservées à l'exception de 18 copies qui n'ont que 4 à 8 pbs conservées dans les TIRs, tandis que 20 éléments ont des LTIRs conservés d'une taille supérieure à 100 pb et allant jusqu'à 314 pb. Tous les MITEs décrits présentent des mutations telles que des délétions et des substitutions ciblant le milieu des séquences qui s'étend aux extrémités des MITEs très mutés, ce qui a conduit à la génération des MITEs avec des TIRs imparfaits d'une taille d'environ 4-20 pb.



(B)	Network	Num. MITEs	Num. MITEs copies	Origine	Sequences length (bp)	TIR length (bp)	TSD
I r r i t a n s		1	59	<i>Btmar2.11</i> <i>Btmar2.13</i>	230	13	5: TA 3: TA
		9	3543	<i>Btmar2.8</i> <i>Btmar2.9</i>	127-787	6-69	5: TA 3: TA
		5	726	<i>Btmar2.9</i>	475-775	7-209	5: TA 3: TA
		20	5277	<i>Btmar2.1</i>	179-796	8-282	5: TA 3: TA
		1	3	<i>Btmar2.12</i>	75	10	5: TA 3: TA

Figure 38 Caractéristiques des MITEs dérivés de MLE dans le génome de l'aleurode *B. tabaci*. (A) MITEs dérivés de la sous-famille mauritiana. (B) MITEs dérivés de la sous-famille irritans. Les rectangles bleu clair font référence aux MITEs de mauritiana tandis que les diamants bleu clair font référence aux MITEs d'irritans. Les MITEs sont représentés par des ellipses. Les ellipses vertes signifient que les MITEs ont quatre contreparties possibles mais qu'ils sont dérivés d'une seule d'entre elles. Les ellipses roses signifient que les MITEs ont trois origines MLEs possibles, les ellipses orange et jaunes indiquent que les MITEs ont deux ou une origine MLEs possible.

II-2 Analyse du transcriptome de Btmar1.1 et Btmar2.1

Dans cette étude, nous avons utilisé les données transcriptomiques disponibles de l'aleurode *B. tabaci* MEAM1 sous l'accession bioprojet PRJNA312467. L'étude de l'expression différentielle des deux MLEs complets dans le génome de *B. tabaci* pendant les trois premiers jours d'acquisition du Tomato Yellow Leaf Curl Virus (TYLCV) a été établie en comparant les deux conditions biologiques des données transcriptomiques, les aleurodes adultes nourris avec le contrôle (plants de tomates non infectés) par rapport au cas (aleurodes adultes nourris avec des plants de tomates infectés par le TYLCV), a révélé que Btmar1.1 est inséré dans la 9^{ème} région intronique du gène cytosolic carboxypeptidase2-like (LOC109039198), qui code l'enzyme CCP2 impliquée dans la réaction de déglutamylation de la tubuline, conduisant à la formation de la Δ 2-tubuline (Tort et al. 2014). Nous avons testé l'expression de ce gène afin de voir si Btmar1.1 et Btmar2.1 sont exprimés.

L'analyse du transcriptome du TYLCV a montré que le gène LOC109039198 a un FPKM supérieur à 1 pour les dix SRA-runs (Tableau 8), ce qui signifie que ce gène est exprimé. En conséquence, le gène LOC109039198, donc Btmar1.1, est également exprimé.

Le FPKM pour Btmar2.1 est également supérieur à 1 dans les mêmes conditions de transcriptome (Tableau 8), ce qui signifie que Btmar2.1 est exprimé.

Tableau 8 Analyse des données de l'SRA de l'expression des deux MLE complets (Btmar1.1 et Btmar2.1) suite à un régime alimentaire sur des tomates infectées par le Tomato Yellow Leaf Curl Virus (TYLCV).

Project accession :

PRJNA312467

SRA-runs	SRA-experimentations	Conditions	FPKM (Btmar1.1)	FPKM (Btmar2.1)
SRR3179624	SRX1592828	des aleurodes au stade adulte MEAM1 nourris avec des plants de tomates non infectées pendant 24 h (TYLCV conrol)	5204.184082	54.507038
SRR3179628	SRX1592843	des aleurodes au stade adulte MEAM1 nourris avec des plants de tomates non infectées pendant 48 h (TYLCV conrol)	9095.962891	15.964408
SRR3179632	SRX1593125	des aleurodes au stade adulte MEAM1 nourris avec des plants de tomates non infectées pendant 72 h (TYLCV conrol)	6753.282715	57.599396
SRR3179639	SRX1593132	des aleurodes au stade adultes MEAM1 nourris avec des plants de tomates infectées pendant 24 h	6586.111328	56.656368
SRR3179644	SRX1593138	des aleurodes adultes MEAM1 nourris avec des plants de tomates infectées pendant 48h	4498.195801	85.146233
SRR3179952	SRX1593145	des aleurodes adultes MEAM1 nourris avec des plants de tomates infectées pendant 72 h	6327.583008	47.316063

Discussion

Le décryptage de l'information génétique issu de données biologiques représente une étape majeure pour mieux saisir le fonctionnement des organismes vivants et leurs comportements envers leurs environnements exceptionnels. La découverte du séquençage du génome entier nous a permis d'obtenir une image plus claire du contenu des génomes, ce qui nous a amené à la surprise de découvrir qu'une partie considérable de presque la majorité des génomes étudiés est constituée d'éléments transposables (ETs). Ces éléments demeurent des acteurs majeurs dans l'évolution des gènes, génomes et hôtes. L'insertion des ETs dans un nouvel emplacement au sein d'un génome peut induire des effets variables à l'échelle individuelle. Occasionnellement, et plus particulièrement pour les organismes non-modèles, la caractérisation de ces éléments reste une tâche complexe. Dans ce travail, nous nous sommes intéressés à l'étude des ETs dans le génome de *B.tabaci*, insecte poly-phytophage connu par ces capacités à transmettre des virus et à développer des résistances aux insecticides.

Dans un premier temps, des éléments transposables ont été annotés et identifiés à l'aide de la séquence du génome de l'espèce *B.tabaci*, disponible sur la base de données publique NCBI, en utilisant des approches bio-informatiques. L'annotation *de novo* du génome assemblé de l'aleurode a été réalisée à l'aide du package REPET, un outil qui permet d'identifier et d'estimer la fraction répétitive contenue dans le génome de l'hôte.

❖ Analyses globales des ETs dans le génome de *B.tabaci*

Chez *B.tabaci*, le contenu en éléments transposables a été estimé à environ 51 % réparti sur 313 Mb de l'ensemble du génome séquencé qui fait 615 Mb. À titre comparatif, des proportions similaires ont été détectées dans des génomes des insectes hémiptères différents. Par exemple, les ETs représentent 57,17 % du génome d'*Acanthoscurria geniculata*, dont la taille est de 7,2 Gb (Wu et Lu., 2019). D'autres génomes d'insectes avec des proportions élevées en ETs et une taille de génome similaire ont été signalés, comme dans le cas de puceron de pois *Acyrtosiphon pisum*, qui a un génome de 542 Mb et un contenu en ETs de 37,86% (Wu et Lu., 2019), et le ver à soie *Bombyx mori*, avec un contenu en ETs équivalant à 40 % de son génome de 530 Mb (Zhang et al., 2013 ; Ma et al., 2013). Tous ces exemples y compris le cas de *B. tabaci* mettent en évidence une corrélation positive entre le contenu en ETs et la taille du génome. Cette relation a été précédemment rapportée dans les génomes d'arthropodes (Petersen et al., 2019, Wu et Lu., 2019, Talla et al., 2017) ainsi que dans d'autres génomes (Kidwell 2002,

Bourque et al., 2018, Naville et al., 2019). Une étude sur l'ensemble des arthropodes menée par Petersen et al. 2019 a été la plus vaste à évoquer l'association entre la taille de l'assemblage du génome et la proportion des ETs dans les génomes d'arthropodes. Le plus grand génome inclus dans l'étude de Petersen et al. 2019 (*Locusta migratoria* 5759,8 Mb) détient la plus grande proportion des ETs (63.55 % du génome) tandis que le plus petit génome étudié (*Belgica antarctica* 89,54 Mb) possède la plus petite proportion des ETs (2,58 % du génome). Bien qu'il a été démontré de manière récurrente que le contenu des ETs dans les génomes est en corrélation avec leurs tailles correspondantes (Petersen et al., 2019, Wu et Lu., 2019, Talla et al., 2017), la contribution directe des ETs demeure confuse, car les différents génomes d'arthropodes possèdent des profils différents des éléments répétés. Par exemple, la punaise hématophage *Rhodnius prolixus* qui est un hémiptère représente une corrélation négative entre le contenu en ETs et la taille du génome. La composition en ETs chez cet insecte est très faible de 5.8 % réparti sur 40.6 Mb par rapport à la taille de son génome qui fait 700 Mb (Filée et al., 2015). En outre, chez les lépidoptères, la longueur et l'activité des ETs ont été liées à l'expansion du génome ; cependant, l'ordre exact des ETs qui ont contribué à l'expansion reste incertain (Talla et al., 2017). Une association entre un ordre spécifique des ETs (transposons à ADN) et la taille de l'assemblage du génome a été identifiée dans le génome de *Clitarchus hookeri* (Wu et Lu., 2019) ; toutefois, l'étendue de la relation n'a pas encore été entièrement explorée.

❖ Classification des ETs chez *B. tabaci*

Il a été également démontré que les éléments les plus abondants dans le génome de *B. tabaci* sont des transposons à ADN (16,55%). Les éléments de cette classe sont significativement plus élevés chez cette espèce que dans les autres génomes tels que chez *A. pisum* (14,06%) et *M. persicae* (8,35%) (Figure 39). Le génome de l'aleurode renferme également plus de transposons d'ADN par rapport aux différents clades d'arthropodes qui ont été analysés dans l'étude de Petersen et al 2019 ; par exemple pour l'ordre Hemiptera (3,24% en moyenne), Hymenoptera (2,83% en moyenne) et Lepidoptera (1,40% en moyenne). En contrepartie, la différence de pourcentage des ETs entre les deux classes définies pourrait être due aux ETs qui n'ont pas pu être catégorisés dans l'une des deux classes chez *B. tabaci*. En effet, les unCategorized détectés chez cet insecte pourraient influencer la distribution des ETs puisque leurs structures ne permettent pas de les classer. Ces éléments pourraient correspondre

soit à de nouveaux groupes d'ETs soit à des copies d'éléments issus de différents événements de délétions et d'insertions.

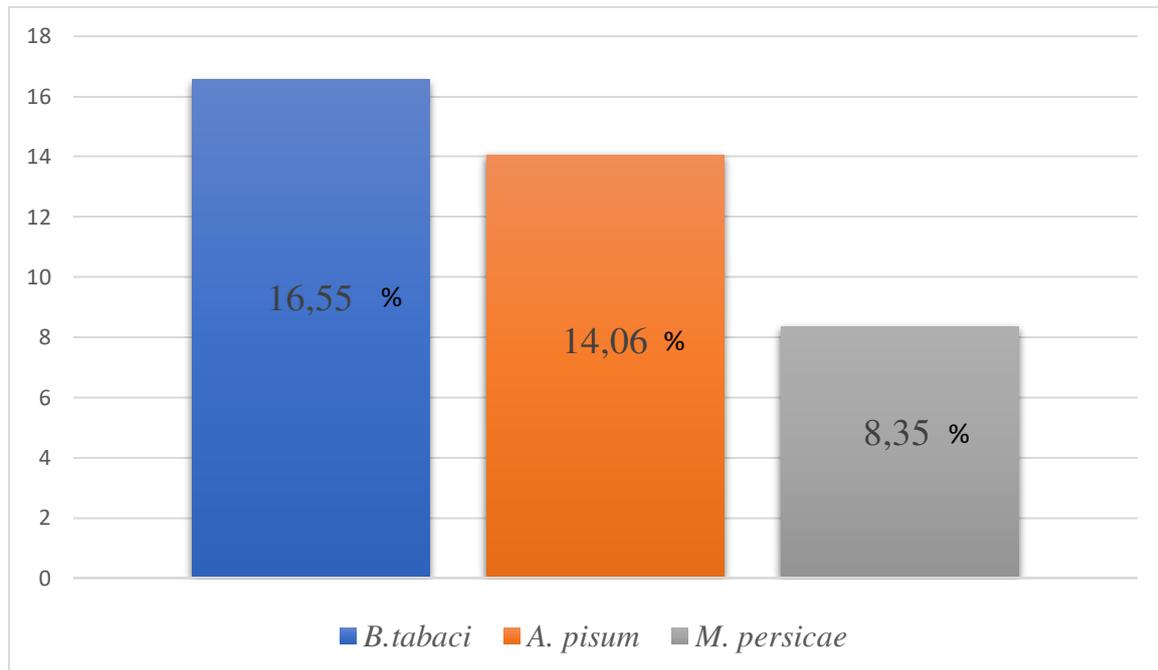


Figure 39 Pourcentage des transposons à ADN chez les trois hémiptères *B. tabaci*, *A. pisum* et *M. persicae*.

Les transposons à ADN sont aussi abondants dans les génomes des végétaux et assurent différents rôles dans l'expression des gènes, l'expansion du génome, la régulation des gènes et évolution du génome (Mita et Boeke 2016, Wu et Lu., 2019, Talla et al., 2017). Les éléments de cette classe peuvent agir comme des éléments cis-régulateurs qui stimulent l'expression des gènes voisins, et qui peut également affaiblir ou inhiber complètement l'expression des gènes à proximité (Naito et al., 2009, Han et al., 2016). Chez les arthropodes, les transposons à ADN ont été considérés comme étant des éléments marquant dans l'expansion des génomes (Petersen et al., 2019, Wu et Lu., 2019). La comparaison des proportions des éléments de la classe II par rapport aux génomes de *Zootermopsis nevadensis* et *Locusta migratoria* a montré que l'augmentation de la taille du génome de ces insectes est cohérente avec l'augmentation de la proportion de transposons à ADN. Cette abondance montre une association entre les transposons à ADN et la taille de génome (Wu et Lu., 2019). La présence et l'absence de superfamilles appartenant à la classe II dans les génomes de ces insectes ont révélé cette association ; en outre, les mécanismes de l'expansion dus aux ETs nécessitent une exploration plus approfondie. La différence significative dans les transposons à ADN

trouvés dans le génome de *B. tabaci* pourrait représenter l'une des raisons expliquant la grande taille du génome de cet insecte par rapport aux autres génomes des hémiptères.

L'analyse de la répartition des lignées a montré que les éléments de la Classe II sont représentés par un nombre de lignées plus élevées que les éléments de la Classe I ce qui reflète la diversité des transposons à ADN dans le génome de *B. tabaci*. Ceci pourrait être expliqué par le mécanisme de transposition des ETs de chacune des deux classes. D'ailleurs, les éléments qui transposent selon le mécanisme « copier-coller » sont amplifiés selon le modèle du gène maître connu sous le nom de « master gene » où une seule copie active donne naissance à plusieurs copies disposant de la même source de transposition (Brookfield et Johnson 2006). Cela pourrait diminuer la diversité des éléments et le nombre des lignées au sein de cette Classe en dépit de leur abondance substantielle.

La comparaison des FLC par rapport aux copies de chaque lignée n'a montré que les ETs identifiés chez *B. tabaci* sont très diversifiés avec un nombre considérable de copies inactives ayant accumulé diverses mutations de type insertion/délétion, substitution et frameshit. Ce phénomène pourrait être attribué à une autorégulation du génome de l'hôte lors de l'invasion de ces éléments pour se protéger contre leurs effets délétères. Ce phénomène se produirait selon différents mécanismes se résumant en deux forces évolutives majeures contrôlant simultanément le nombre de copies et la transposition de ces éléments (Charlesworth et Charlesworth 1983 ; Le Rouzic et Decelie 2005) :

- La régulation en mode neutre durant laquelle les ETs accumulent des mutations de manière aléatoire limitant leur fréquence de transposition et conduisant à leur disparition du génome en suivant une évolution neutre.
- La sélection durant laquelle les ETs ayant un impact délétère seront contre sélectionnés. Dans cette hypothèse, les sites d'insertion de ces éléments joueront un rôle majeur dans le devenir de telle ou telle famille des ETs envahissant son génome hôte.

L'abondance des ETs a été signalée dans le génome de *B. tabaci* MEAM1, mais n'a pas été explorée plus avant. La présence d'un nombre élevé d'éléments appartenant à la classe de transposons à ADN révèle l'importance de cet ordre des ETs au sein de cette espèce. Une exploration plus exhaustive au-delà de la caractérisation serait nécessaire pour mieux comprendre le contexte de la présence de ces éléments au sein du complexe d'espèces.

❖ Les éléments LINEs chez *B. tabaci*

Chez l'aleurode, le pourcentage de LINEs (3,347%) est particulièrement plus élevé par rapport à ceux des génomes d'autres hémiptères *A. pisum* (2,32%) et *M. persicae* (1,86 %) (Petersen et al. 2019) (Figure 40). Également, cet insecte présente un pourcentage des LINEs comparable aux différents autres clades d'arthropodes analysés dans l'étude de Petersen et al. 2019 : les hémiptères (5,14%), les lépidoptères (5,17%) et les drosophiles (4,34%). La plupart des études sur les LINEs chez les insectes ont été réalisées sur des drosophiles. Chez *D. melanogaster*, les souches qui portaient des rétrotransposons non-LTR spécifiques présentaient une dysgénésie hybride (Galun 2003, Fawcett et al., 1986). La progéniture de ces insectes est devenue stérile et présentait une augmentation de la fréquence des mutations et des réarrangements chromosomiques (Galun 2003, Fawcett et al. 1986). Il a été observé que les lignées se sont maintenues avec efficacité tout au long de l'évolution de l'organisme hôte (Lathe et al., 1995, Lathe et al., 1997, Biedler et al., 2007). Les sites d'insertion spécifique des éléments des superfamilles des lignées R1 et R2 près des gènes de l'ARN ribosomique 28S ont assuré leur propagation. Il existe aussi des preuves qu'une autre superfamille s'est maintenue avec succès grâce à un site d'insertion non-spécifique (Lathe et al., 1995, Lathe et al., 1997, Biedler et al., 2007, Jakubczak et al., 1991). Différentes superfamilles appartenant à l'ordre des LINEs peuvent être trouvées dans les différents génomes d'insectes et chacune de ces superfamilles pourrait causer différents effets selon le type et la zone d'insertion (Galun 2003, Petersen et al. 2019, Talla et al., 2017). Les conséquences de l'importante distribution des LINEs dans le génome de *B.tabaci* sont inconnues et une exploration de ces éléments dans un cadre plus large de l'évolution des insectes est indispensable.

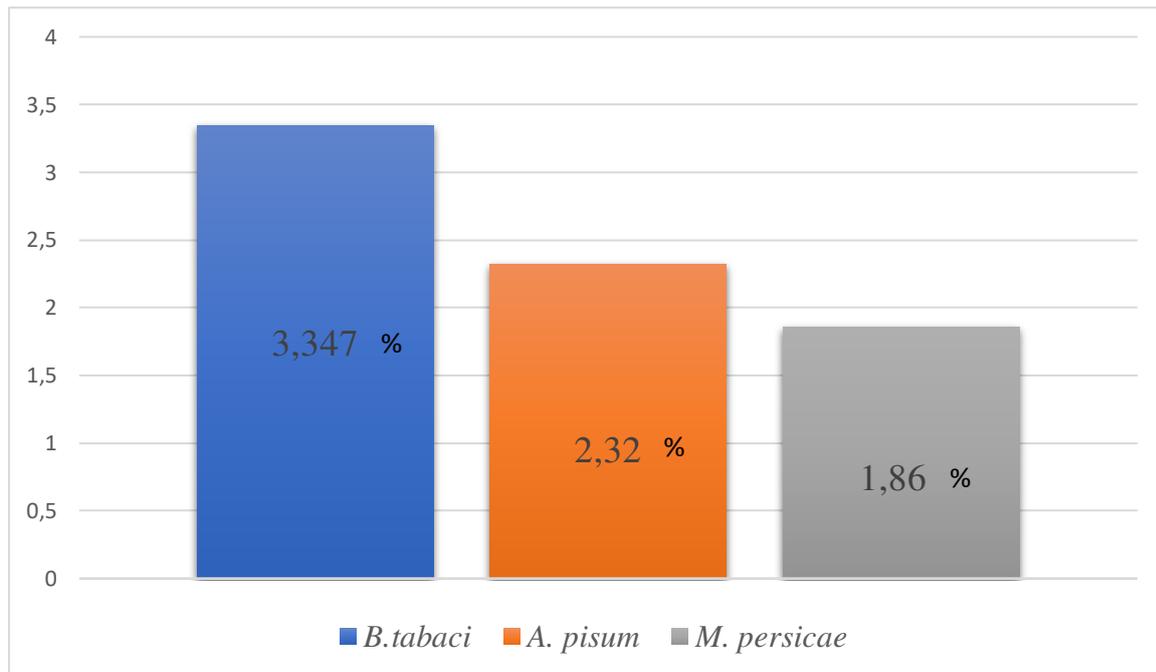


Figure 40 Pourcentage des éléments de l'ordre des LTRs chez les trois hémiptères *B. tabaci*, *A. pisum* et *M. persicae*.

❖ Les éléments SINEs chez *B. tabaci*

Les SINEs demeurent les éléments les moins représentés au sein du génome de l'aleurode. Ces éléments nécessitent des LINEs pour leur transposition (Galun 2003, Ohshima et al., 2005). La faible distribution des SINEs dans le génome de *B. tabaci* pourrait être corrélée à la mutation du côté 5' de l'élément puisque cette partie annonce l'élément à partir duquel le SINE est dérivé et grâce à cette séquence l'élément se procure de manière parasitaire sa machinerie transcriptionnelle (Kriegs et al., 2007). Concrètement, l'identification des SINEs est un défi. Dans l'étude de Petersen et al., 2019, qui a permis l'identification des ETs chez plusieurs arthropodes, aucune séquence SINE n'a été identifiée dans sept des 73 génomes inclus dans l'étude. Cependant, il y a plusieurs rapports incohérents des proportions des SINEs identifiés trouvés dans les mêmes organismes. Petersen et al., 2019 ont rapporté une proportion de 2,07 % SINEs dans le génome de *Heliconius melpomene* et de 9,41% dans le génome de *B. mori*. Dans l'analyse des ETs de *H. melpomene*, Lavoie et al. 2013 ont identifié un pourcentage de SINEs plus élevé d'environ 8,22% du génome ; tandis que dans l'analyse ETs de *B. mori* faite par Osanai-Futahashi et al., 2008, 12,8% du génome ont été identifiés en tant que SINEs.

Le pourcentage le plus significatif des ETs reste non classifié dans le génome de *B. tabaci*. Ces éléments ont été « blastés » contre des séquences protéiques et des fragments de gènes potentiels ; toutefois, le criblage n'a conduit à aucun résultat positif. Une étude et une validation plus poussées sont nécessaires afin d'améliorer la classification et la compréhension de ces éléments « uncategorisés ».

Enfin, la distribution des éléments parmi la même classe des ETs peut changer ; mais, les transposons à ADN chez l'espèce *B. tabaci* resteraient les plus abondants puisque plus de la moitié des éléments identifiés en font partie.

❖ La distribution des superfamilles dans le génome de *B. tabaci*

La superfamille *hAT* des transposons à ADN représente le nombre le plus abondant des ETs de cette classe dans le génome de *B. tabaci*. La superfamille *hAT* englobe les éléments transposables les mieux caractérisés et intègre également le premier élément à ADN mobile qui a été découvert, à savoir le transposon *Activator* du maïs (McCLINTOCK 1950, Flynn et al., 2020). La structure des éléments de la superfamille *hAT* est représentée par une séquence nucléotidique de 2,5 à 5 kb avec des répétitions terminales inversées qui peuvent s'étendre jusqu'à 50 pb, générant jusqu'à 8 pb de duplication du site cible (TSD) lors de l'insertion de l'élément. Cette séquence code une seule protéine qui inclut un domaine transposase (Kojima 2019). Dans cette étude, 35 superfamilles *hAT* représentant des lignées distinctes ont été identifiées. Certaines familles appartenant à la superfamille *hAT* ont été explorés afin d'identifier leurs fonctions, leurs structures et leurs évolutions (Kojima 2019 ; Rubin et al., 2001). Les éléments *hAT* sont présents dans différents organismes, notamment les humains, les nématodes, les insectes, les champignons et les plantes (Rubin et al., 2001).

Concernant les rétrotransposons, quatre superfamilles ayant une dynamique active ont été trouvées dans le génome de *B. tabaci* : les *Penelope*, les LTRs *Gypsy* et *Copia* ainsi que les *LINE-RTE*. Les éléments *Gypsy* ont été caractérisés pour la première fois dans le génome de *D. melanogaster* et leurs séquences présentent une similitude remarquable avec les rétrovirus des animaux vertébrés (Galun 2003). Les éléments *Gypsy* présentent des taux élevés de transposition et il a été démontré qu'ils s'insèrent dans les introns et affectent l'expression des gènes en perturbant le contrôle transcriptionnel normal (Herédia et al., 2004 ; Kim et al., 1994). L'activité des éléments *Copia* est aussi importante dans le génome de *B. tabaci*, tandis que, leur couverture génomique dans les génomes des autres hémiptères est faible, à l'exception du génome de *A. pisum*. Les éléments *Copia* sont des rétrotransposons LTR autonomes et leur

caractéristique majeure est la possession du domaine intégrase (Kojima 2019 ; Qiu 2018). Ces éléments ont été aussi détectés chez les plantes alors qu'ils ont été trouvés plus récemment actifs chez les insectes (Sabot et al., 2006 ; White et al., 2018). Les Copia ont été récemment actifs dans le génome de la drosophile et il y a une grande possibilité qu'ils puissent être transmis horizontalement (White et al., 2018).

La superfamille *RTE* englobe les éléments plus actifs dans les génomes de *B. tabaci*. Selon la classification RepBase, les répétitions appartenant à la superfamille, *RTE* ont la capacité de coder leur protéine avec deux domaines fonctionnels : une AP-endonucléase (Apurinic) et une transcriptase inverse (Wicker et al., 2007 ; Kojima 2019). Les éléments les plus actifs appartenant à la superfamille *RTE* sont les Bov-B (Bovine-B) qui ont été identifiés dans le génome de *Bos taurus*, mais aussi dans d'autres génomes eucaryotes suite à des événements de transfert horizontal (Peccoud et al., 2017 ; Walch et al., 2013 ; Elsik et al., 2009 ; Ivancevic et al., 2018).

En se basant sur la dynamique des ETs et la distribution de leurs âges, nous constatons une diminution de l'expansion de l'activité des transposons à ADN et une augmentation de l'activité des rétrotransposons LINE et LTR dans le génome de *B. tabaci*. Cette dynamique nécessite d'être plus étudiée afin de déceler son effet sur le génome de cet insecte. L'âge relatif des éléments a été identifié en étudiant le taux de mutations aléatoires ajusté par le taux de délétion afin de déterminer le taux d'évolution chez l'aleurode.

❖ Les sites d'insertion des ETs chez *B.tabaci* pouvant avoir un effet dans la résistance aux insecticides

L'implication potentielle des sites d'insertion des ETs détectés dans la régulation des gènes de défense conférant la résistance aux insecticides a été examinée. Les insertions des ETs à l'intérieur et jusqu'à 2 kb en amont des gènes ont été étudiées, en particulier pour les DEGs précédemment décrits par Chen et al. 2016, étant donné que l'insertion des ETs à cette distance peut affecter la régulation en cis de l'expression des gènes (Chen et al., 2016 ; Quinlan et Hall 2010). La majorité des insertions identifiées sont au sein des gènes, notamment au niveau de l'intron, ou en amont des gènes. Il convient de noter que l'insertion au niveau de l'intron peut ne pas avoir d'impact, car ces régions sont caractérisées par des taux de mutation élevés ainsi, les ETs peuvent accumuler plusieurs mutations sous sélection neutre (Hirsch et Springer, 2017). C'est pour cette raison que les ETs sont préférentiellement introduits dans ces

régions, permettant par conséquent au génome de se protéger de leurs effets néfastes. Cependant, diverses études ont montré que de telles insertions pouvaient induire de nouveaux exons ou simplement modifier le cadre de lecture ou générer des codon stop entraînant des protéines tronquées après une traduction achevée précocement (Casacuberta et Gonzalez 2013). En revanche, les insertions recouvrant les jonctions exon-intron sont généralement impliquées dans la modification des sites d'épissage chez les insectes (Zhang et al 2011 ; Casacuberta et Gonzalez 2013). Cependant, d'autres études fonctionnelles seront nécessaires pour confirmer ces hypothèses.

Nos résultats ont révélé six insertions des ETs, dont trois à l'intérieur des gènes de la cathepsine B et du PEBP. Il est intéressant de noter qu'une séquence de l'élément Copia s'étendait sur la totalité du second exon du gène de la cathepsine B, qui est impliqué dans la protéolyse intracellulaire. Il a été suggéré que le gène de la cathepsine B pourrait jouer un rôle dans la résistance aux insecticides de *B. tabaci* (Chen et al., 2016). Ainsi, cette insertion peut être la source d'une nouvelle fonction du gène de la cathepsine puisqu'elle aboutit à un ARNm (Chen et al., 2016).

L'analyse des gènes de défense de l'aleurode a aussi révélé une insertion d'un élément hAT dans l'intron du gène de la cathepsine L-Like. Une insertion intronique similaire a été récemment signalée chez le puceron du coton *Aphis gossypii*. Cette insertion implique un élément Jockey dans le gène cytP450 6K1-like qui a été considéré comme un candidat conférant la résistance au thiaméthoxame (Langfield et al., 2017). Également, nos résultats ont révélé l'insertion d'un élément Tc1-mariner et un élément Academ dans les introns des gènes PEBP intervenant dans plusieurs processus biologiques. Ces insertions introniques peuvent être épissées avec succès au cours du traitement de l'ARNm, en maintenant la fonction inchangée du gène de défense concerné (Greene et al., 1994). Cependant, les insertions au niveau des régions non codantes peuvent être influencées par d'autres mécanismes de régulation ; Par exemple, si les introns du gène de résistance aux insecticides contiennent des séquences régulatrices, elles peuvent entraîner un saut d'exon, un épissage alternatif ou des variations dans les profils d'expression. En effet, chez le maïs, l'insertion de l'élément Mutator dans le troisième intron du locus *Knotted* a entraîné une expression ectopique du transcrite dans les feuilles des plantes mutantes (Greene et al., 1994). En outre, dans le génome de *B. tabaci*, des ETs ont été insérés en amont des gènes de résistance aux insecticides cathepsines F-Like et cathepsine B. Des insertions similaires en amont du gène *Cyp6g1* ont été rapportées chez *D. melanogaster*, impliquant le rétrotransposon LTR-Accord (Chung et al., 2007).

Les insertions des ETs identifiées chez *B. tabaci* en amont des gènes peuvent jouer le rôle de séquence régulatrice et influencer l'expression des gènes de résistance aux insecticides par le biais de régulation en cis, permettant à cet hémiptère ravageur de s'adapter au stress xénobiotiques. Il convient de mentionner que les insertions des ETs contribuent nettement à l'évolution des gènes. Des cas similaires ont été signalés précédemment parmi les gènes codant les protéines ssGP (super small secreted glycoprotein GP), qui ont évolué par transposition d'éléments MITEs et Ty3/gypsy (Wessler et al., 1995, Casacuberta et Santiago, 2003).

❖ Les éléments de type mariner chez *B. tabaci*

La classification des MLEs suggère que chaque sous-famille est subdivisée en différentes lignées. Selon l'étude de Le Rouzic et al. (2013) le changement du nombre de copies d'un type particulier d'ET est le résultat d'un événement de translocation permettant l'apparition d'une nouvelle copie et son insertion dans un nouveau site, cet événement déclenche l'accumulation des mutations qui permet d'augmenter la divergence de ces éléments au cours du temps et favorise leur assemblage en différentes lignées. Cette distribution en lignées peut également être le résultat d'une invasion par plus d'une séquence ancestrale, le nombre de ces derniers peut être équivalent au nombre de lignées établies pour chaque sous-famille, suivie par une évolution individuelle et indépendante pour chaque sous-famille issue d'une séquence ancestrale (Figure 41).

L'étude des ETs de la famille mariner a révélé que le génome MEAM/B présente un total de 550 MLEs appartenant aux deux sous-familles Mariner mauritiana (Btmar1.1 à Btmar1.16) et irritans (Btmar2.1 à Btmar2.16). La majorité de ces séquences sont représentées par quatre lignées (Btmar1.7, Btmar1.8, Btmar2.8, et Btmar2.9) comprenant 67% des éléments Mariner identifiés. Bien que des lignées à nombre élevé de copies ont été décrites dans quelques espèces telles que le Tricladida *Girardia tigrina*, l'hémiptère *Rhodnius prolixus* (García-Fernández et al. 1995 ; Filée et al. 2015 ; Fernández-Medina et al. 2016), et les génomes du genre *Drosophila* (Wallau et al. 2014), les MLE sont généralement décrits comme une famille des ETs à nombre de copies faible. La plupart des autres génomes renferment moins de 50 copies par génome. Ainsi, le génome de *B. tabaci* semble être plutôt permissif pour l'expansion des MLEs.

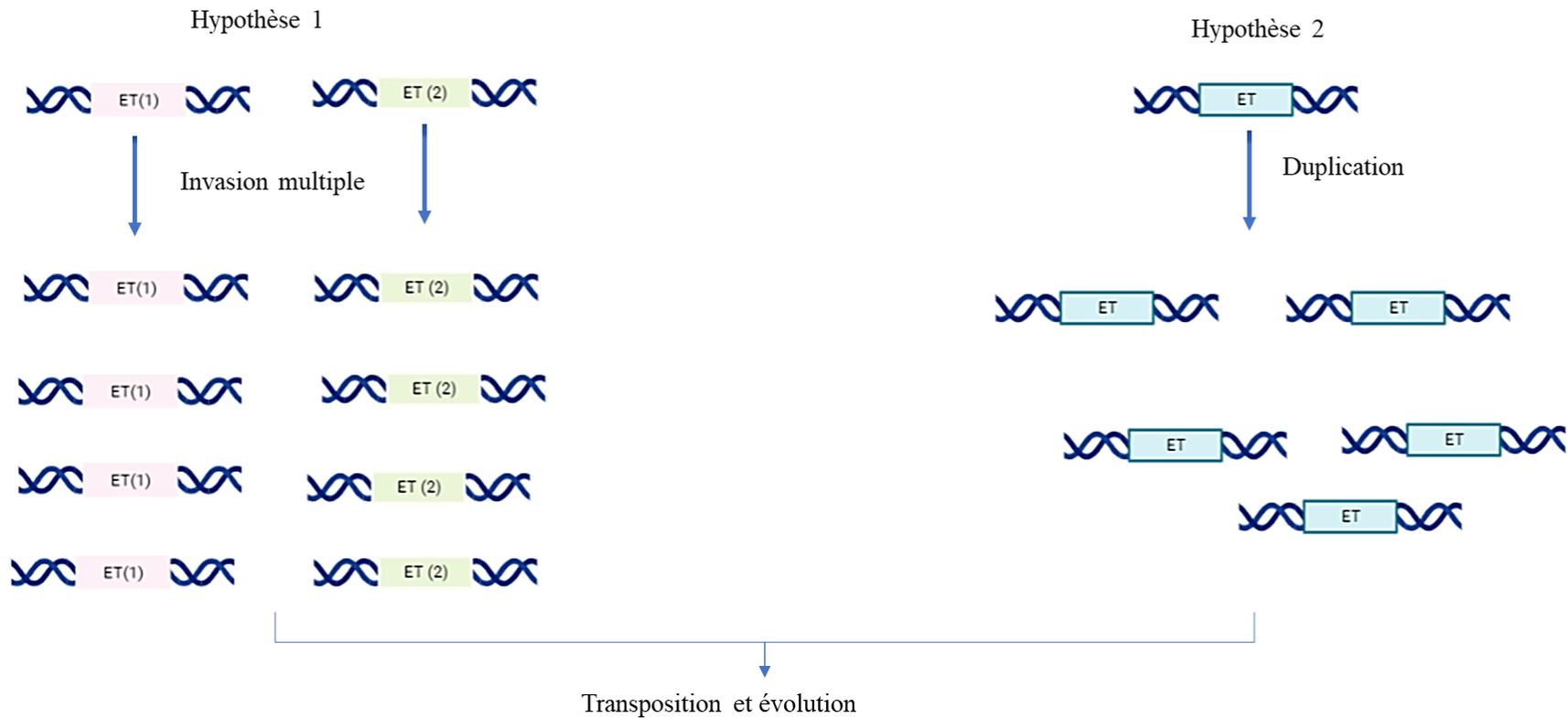


Figure 41 Représentation schématique des deux hypothèses 1 et 1 expliquant la distribution des MLEs d'une même Sous-Famille en différentes lignées. Hypothèse 1 : invasion de plus qu'une séquence ancestrale ET (1) et ET (2). Hypothèse 2 : invasion d'une seule séquence ancestrale suivie d'une duplication.

La taille typique des MLEs est de 1300 pb (Robertson et Martos 1997), ce qui est cohérent avec la taille de la plupart des MLEs décrits dans cette étude. Parmi les 550 éléments identifiés, seules quatre séquences MLEs possèdent une taille atypique, qui dépasse la taille connue de 277 à 507 pb. Cependant, l'analyse des TIR a montré que leur taille est étendue (jusqu'à 459 pb) dans la plupart des séquences. Cette particularité est habituellement observée parmi les transposons TLE étroitement apparentés (Robertson et Martos, 1997 ; Shao et Tu 2001 ; Ruvolo et al. 1992). Bien que les TLE ont des TIRs de taille variable, allant de 24 à 756 bp, la plupart ont une taille de plus de 50 pb (Ruvolo et al. 1992 ; Jehle et al. 1998). En outre, les MLEs ayant des LTIRs ont été décrits précédemment dans le génome du nématode phytoparasite *M. chitwoodi* au niveau des éléments, Mymar1-1 et Mymar1-2. Ces éléments renferment des LTIRs parfaitement conservés de 355 bp (Leroy et al. 2003).

La plupart des séquences MLEs sont des copies dégénérées avec des codons stop dans le cadre de lecture ouvert et des mutations de type frameshifts ou indels. Telles que rapportées précédemment, ces mutations sont suffisantes pour abolir l'activité catalytique ou empêcher la synthèse de la transposase putative et rendre les MLEs inactifs ou non autonomes (Lohe et al., 1995). Nos résultats ont également mis en évidence deux copies (de TSD à TSD) avec des transposases putatives conservées, ce qui les rend vraisemblablement capables d'effectuer leur propre transposition et la transposition des éléments non-autonomes proches ou non apparentés via la trans-complémentation (Lohe et al. 1995).

❖ Les éléments MITEs dérivés des mariner chez *B. tabaci*

Les MITEs peuvent être dérivés d'éléments autonomes ou non autonomes grâce à des mécanismes tels que la réparation abortive des lésions (de Freitas Ortiz et al., 2010 ; Fattash et al., 2013). Cependant, la perte ou l'inactivation des éléments autonomes dont les MITEs dérivent ne les rend pas impérativement inactifs. Quelques séquences MITEs peuvent être mobilisées de manière croisée à l'aide d'une machinerie d'éléments autonomes presque inconnue (Fattash et al., 2013). Par exemple, la perte de l'élément autonome Ping n'a pas suspendu l'activité de l'élément MITE mPing. Cet élément peut être mobilisé de manière croisée par la transposase d'autres éléments tels que l'élément Pong (Yang et al., 2006). De plus, un élément MITE dérivé de Stowaway, nommé MiHsmar1, a été mobilisé en utilisant la transposase reconstruite de Hsmar1 (Miskey et al., 2007). Pour la plupart des séquences MITEs-MLE identifiées, nous avons pu retrouver des séquences TIR et des TSDs TA relativement

intactes nécessaires à la transposition. Les TIRs présentent de grandes similarités avec la sous-famille des mariner qui leur sont apparentées. Ces résultats, soutiennent que les MITEs peuvent être mobilisés par la transposase des lignées de mariner qui partagent des séquences de TIRs quasi-identiques dans le génome de *B.tabaci*.

Les MITEs ont été largement décrits dans les génomes des plantes en tant que des courts éléments qui ne dépassent pas les 800 pb présentant un nombre élevé de copies atteignant des milliers de copies (Guermonprez et al., 2008 ; Guermonprez et al., 2012 ; Crescente et al., 2018). Les MITEs ont également été identifiés chez les insectes, par exemple, le génome de *Drosophila sechellia* ne contient que 46 séquences MITE (Dias et Carareto 2011). En revanche, dans le génome de *Aedes aegypti*, le nombre de copies de MITEs varie de 2100 à 3 000 par génome haploïde (Tu 1997). Dans une étude plus récente, Han et al. (2016) ont identifié 6012 familles de MITE à partir des génomes de 98 espèces d'insectes et ont construit la première base de données MITE d'insectes (iMITEdb). Dans cette base de données, le nombre des familles MITE appartenant à la superfamille Tc1/mariner est de 1698 familles provenant des génomes de 90 espèces d'insectes, dont 192 familles provenant de 8 génomes d'hémiptères. Dans cette étude, l'abondance relative des MITEs dans le génome de *B. tabaci* est élevée par rapport à d'autres génomes d'insectes. Effectivement, le nombre des MITEs identifiés dérivés de séquences MLE dépasse le nombre total de copies MITEs décrit dans la majorité des insectes. Bien que la plupart des MITEs identifiés dans notre étude ne proviennent pas d'éléments autonomes, des MITEs dérivés des ETs plein taille ont été décrits chez certaines espèces telles que *D. sechellia*. Dans cette étude, nous avons également mis en évidence quatre copies de MITEs liées à l'élément de pleine taille mauritiana et 20 liées à l'élément plein taille irritans.

❖ La complémentarité des approches bio-informatique pour la recherche des ETs

Dans cette étude, on suppose que l'exhaustivité des approches a permis de reconstituer autant que possible une image assez proche de la réalité de la diversité des ETs, de leur distribution dans le génome de *B.tabaci*.

L'utilisation de l'approche de novo par REPET a fourni un aperçu global des différents groupes des ETs présents dans le génome de *B.tabaci*. Cependant, cette approche de

bibliothèque et de signature n'a pas permis de classer les éléments en sous-famille, tel le cas des sous-familles mariner qui ne peuvent être reconnus qu'en se basant sur les caractéristiques structurelles de ces éléments. Cette approche, a permis de subdiviser les MLEs chez *B.tabaci* en deux sous-familles irritans et maurtiana et d'identifier deux éléments complets. Par conséquence, la combinaison des deux approches a permis de récupérer les données manquantes et de révéler la diversité des ETs. Néanmoins, des travaux supplémentaires étaient nécessaires pour avoir une idée sur la dynamique et l'âge des ETs colonisant le génome de *B.tabaci*.

Conclusion
et
Perspectives

Les ETs sont présents dans presque tous les organismes vivants, toutefois leur abondance et leur omniprésence chez les insectes attestent de leur profonde influence sur l'architecture du génome et l'évolution de leurs organismes. À partir de la découverte de Barbara McClintock qui a prouvé l'impact des ETs sur le phénotype des maïs, différentes autres études sur des espèces phytophages qui affectent l'agriculture ont été effectuées. Toutefois, l'annotation des ETs à l'échelle génomique, sauf pour certains organismes modèles qui disposent d'une séquence génomique de référence, représente généralement un goulot d'étranglement dans l'analyse des séquences répétées dans les génomes séquencés.

Dans la présente étude, une annotation des éléments transposables dans le génome de l'hémiptère *B.tabaci* ainsi qu'une étude de leur dynamique et leur éventuel impact dans la résistance aux insecticides ont été effectuées. Ces travaux ont combiné des différentes approches bio-informatiques qui ont permis de répertorier le répertoire de cette espèce et de détailler les différentes superfamilles coexistantes sur son territoire génomique.

L'annotation de *novo* du génome de *B. tabaci* en utilisant REPET a permis de révéler une grande diversité des ETs appartenant aux deux Classes et de distinguer un grand nombre de séquences inactives dû à l'accumulation des mutations.

L'étude des insertions des ETs annotés par rapport aux gènes de résistance aux insecticides chez *B.tabaci* a montré que la majorité des insertions se trouvent au niveau des introns ou en amont des gènes et qu'elles impliquent des membres des superfamilles *Tc1-mariner*, *hAT*, *RTE*, *Copia*, *Academ*, *Maverick*, *Mutator*, *Gypsy*, *Bel-Pao*, *Jockey*, *Sola*, *I*, *LI*, *Penelope*, et *Helitron*.

L'estimation de l'âge effectuée selon les modèles statistiques proposés par Dai et al. (2018) a montré l'implication de diverses superfamilles dans des bursts récents occupés majoritairement par les éléments TIR-Sola de la classe I et les éléments LINE-R1 de la classe II qui ont été observées il y a 0,2 et 0,8 million d'années, respectivement. Cette analyse a révélé également d'autres superfamilles telles que les éléments Walado, Maverick, Bel-Pao, Jockey, R2, Nimb et Ginger qui se sont éteints pendant différentes périodes pour qu'ils reprennent de nouveau leur activité. Cette reprise se traduit soit par de nouvelles invasions du génome de *B. tabaci* soit par la réactivation de certains éléments qui étaient inactivés par le système de défense du génome hôte.

L'analyse de la famille des MLEs chez *B. tabaci*, a montré un équilibre de nombre de copies entre les éléments des deux sous-familles identifiées mauritiana et irritans qui semblent être en duel perpétuel. La majorité de ces séquences sont mutées et ont des LTIRs qui peuvent atteindre jusqu'à 459 pb. Cette étude a révélé aussi la présence de deux éléments complets Btmar1.1 et Btmar2.1 appartenant respectivement aux sous-familles mauritiana et irritans dans le génome de *B. tabaci*. La transposase de ces deux éléments pourrait être à l'origine de la trans-mobilisation de toutes les copies MLEs mutées dépourvues d'une partie de l'ORF. D'ailleurs, l'étude de l'expression différentielle de ces deux MLEs complets dans le génome de *B. tabaci*, pendant les trois premiers jours d'acquisition du Tomato Yellow Leaf Curl virus (TYLCV), a révélé qu'ils sont exprimés

L'étude des éléments MITEs a révélé 71 familles MITEs liées aux séquences MLEs. Ces éléments présentent 12 605 copies, qui renferment des motifs TSD TA et des TIRs. L'analyse des séquences a montré que ces 71 familles sont subdivisées en 35 familles MITEs dérivées des éléments mauritiana et 36 MITEs dérivées des éléments irritans.

La recherche des ETs continue d'être principalement orientée vers des études portant sur l'ensemble du génome, qui tentent de discerner des modèles généraux à partir de divers ETs regroupés en quelques groupes et la compréhension de leurs effets sur l'architecture et la fonction du génome à grande échelle. Cependant, il est important de ne pas perdre de vue sur le fait que nous ne pouvons interpréter ces effets que si nous décortiquons les mécanismes qui régissent la propagation des éléments eux-mêmes. Ces connaissances proviennent en grande partie des études génétiques et évolutives des ETs individuels puisqu'il n'y a pas deux familles des ETs qui se ressemblent ou se comportent de la même façon. Par conséquence, nous envisageons les perspectives suivantes :

- Effectuer des études détaillées des mécanismes moléculaires et des activités cellulaires des différents éléments.
- Valider *in vitro* les insertions trouvées dans les gènes de résistance aux insecticides.
- Etudier l'expression différentielle des gènes de résistance qui renferment ou qui sont précédés par des insertion des ETs entre des souches résistantes et des souches sensibles aux insecticides afin d'examiner l'effet des ETs dans le

phénomène de la résistance aux insecticides et d'élucider la relation fonctionnelle des ETs avec ces gènes.

Références bibliographiques

- Abak, K., Yılmaz, M. A., et Kesici, S. (1991). Problème de TYLCV en Turquie et moyens utilisés pour diminuer son effet. In *Proceeding of Seminar on Resistance to TYLCV, Avignon* (pp. 28-30).
- Abrusán, G., Grundmann, N., DeMester, L., et Makalowski, W. (2009). TEclass—a tool for automated classification of unknown eukaryotic transposable elements. *Bioinformatics*, 25(10), 1329-1330.
- Agarwal, P. (1994, January). The Repeat Pattern Toolkit (RPT): analyzing the structure and evolution of the *C. elegans* genome. In *Proceedings. International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology* (Vol. 2, pp. 1-9).
- Agrawal, A., Eastman, Q. M., et Schatz, D. G. (1998). Transposition mediated by RAG1 and RAG2 and its implications for the evolution of the immune system. *Nature*, 394(6695), 744-751.
- Akbari, O. S., Bellen, H. J., Bier, E., Bullock, S. L., Burt, A., Church, G. M., ... et Wildonger, J. (2015). Safeguarding gene drive experiments in the laboratory. *Science*, 349(6251), 927-929.
- Altschul, S. F., Gish, W., Miller, W., Myers, E. W., et Lipman, D. J. (1990). Basic local alignment search tool. *Journal of molecular biology*, 215(3), 403-410.
- Aminetzach, Y. T., Macpherson, J. M., et Petrov, D. A. (2005). Pesticide resistance via transposition-mediated adaptive gene truncation in *Drosophila*. *Science*, 309(5735), 764-767.
- Andreason, S. A., Shelby, E. A., Moss, J. B., Moore, P. J., Moore, A. J., et Simmons, A. M. (2020). Whitefly endosymbionts: Biology, evolution, and plant virus interactions. *Insects*, 11(11), 775.
- Arkhipova, I. R. (2006). Distribution and phylogeny of Penelope-like elements in eukaryotes. *Systematic biology*, 55(6), 875-885.
- Atkinson, P. W., Warren, W. D., et O'Brochta, D. A. (1993). The hobo transposable element of *Drosophila* can be cross-mobilized in houseflies and excises like the Ac element of maize. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 90(20), 9693-9697.
- Augé-Gouillou, C., Brillet, B., Hamelin, M. H., et Bigot, Y. (2005). Assembly of the mariner Mos1 synaptic complex. *Molecular and Cellular Biology*, 25(7), 2861-2870.

Azab, A. K., Megahed, M. M., et El-Mirsawi, H. D. (1970). On the range of host-plants of *Bemisia tabaci* (Genn.)(Homoptera: Aleyrodidae). *Bulletin de la Société Entomologique d'Egypte*, 54, 319-326.

Azab, A. K., MM, M., et El Mirsawi, D. H. (1971). On the biology of *Bemisia tabaci* (Genn.)(Hemiptera-Homoptera: Aleyrodidae).

~B~

Bandyopadhyay, P., Glinka, G., Jakubczak, H., et Sobczykiewicz, W. (1991). A Procedure for Dimensioning of Steel Structures of Earth Moving and Construction Machines Against Fatigue Failure. *Oxford et IBH Publishing Co. Pvt. Ltd.(India)*, 1293-1299.

Bao, W., Kojima, K. K., et Kohany, O. (2015). Repbase Update, a database of repetitive elements in eukaryotic genomes. *Mobile Dna*, 6(1), 1-6.

Barnouin, J., et Sache, I. (2010). *Les maladies émergentes: Epidémiologie chez le végétal, l'animal et l'homme*. Editions Quae.

Basit, M. (2018). Cotton pest control awareness in farmers of the Punjab, Pakistan and its impact on whitefly resistance against available insecticides. *Phytoparasitica*, 46(2), 183-195.

Baumann, P. (2005). Biology of bacteriocyte-associated endosymbionts of plant sap-sucking insects. *Annu. Rev. Microbiol.*, 59, 155-189.

Bedford, I. D., Briddon, R. W., Brown, J. K., Rosell, R. C., et Markham, P. G. (1994). Geminivirus transmission and biological characterisation of *Bemisia tabaci* (Gennadius) biotypes from different geographic regions. *Annals of Applied Biology*, 125(2), 311-325.

Belancio, V. P., Deininger, P. L., et Roy-Engel, A. M. (2009). LINE dancing in the human genome: transposable elements and disease. *Genome medicine*, 1(10), 1-8.

Benjamin, B., Yves, B., et Corinne, A. G. (2007). Assembly of the Tc1 and mariner transposition initiation complexes depends on the origins of their transposase DNA binding domains. *Genetica*, 130(2), 105-120.

Bennetzen, J. L. (2005). Transposable elements, gene creation and genome rearrangement in flowering plants. *Current opinion in genetics et development*, 15(6), 621-627.

- Bennetzen, J. L., et Wang, H. (2014). The contributions of transposable elements to the structure, function, and evolution of plant genomes. *Annual review of plant biology*, 65, 505-530.
- Benson, G. (1999). Tandem repeats finder: a program to analyze DNA sequences. *Nucleic acids research*, 27(2), 573-580.
- Benuzzi, M., Nicoli, G., et Manzaroli, G. (1990). Biological control of *Bemisia tabaci* (Genn.) and *Trialeurodes vaporariorum* (Westw.) by *Encarsia formosa* Gahan on poinsettia. *Bulletin SROP (France)*.
- Berthelie, J., Casse, N., Daccord, N., Jamilloux, V., Saint-Jean, B., et Carrier, G. (2018). A transposable element annotation pipeline and expression analysis reveal potentially active elements in the microalga *Tisochrysis lutea*. *BMC genomics*, 19(1), 1-14.
- Bertin, S., Luigi, M., Parrella, G., Giorgini, M., Davino, S., et Tomassoli, L. (2018). Survey of the distribution of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) in Lazio region (Central Italy): a threat for the northward expansion of Tomato leaf curl New Delhi virus (Begomovirus: Geminiviridae) infection. *Phytoparasitica*, 46(2), 171-182.
- Biedler, J. K., Shao, H., et Tu, Z. (2007). Evolution and horizontal transfer of a DD37E DNA transposon in mosquitoes. *Genetics*, 177(4), 2553-2558.
- Biéumont, C., et Vieira, C. (2006). Junk DNA as an evolutionary force. *Nature*, 443(7111), 521-524.
- Black, D. M., Jackson, M. S., Kidwell, M. G., et Dover, G. A. (1987). KP elements repress P-induced hybrid dysgenesis in *Drosophila melanogaster*. *The EMBO journal*, 6(13), 4125-4135.
- Blackman, R. L., et Cahill, M. (1998). The karyotype of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae). *Bulletin of Entomological Research*, 88(2), 213-215.
- Borgio, J. F. (2010). RNAi mediated gene knockdown in sucking and chewing insect pests. *Journal of Biopesticides*, 3(1), 386.
- Bouallègue, M., Filée, J., Kharrat, I., Mezghani-Khemakhem, M., Rouault, J. D., Makni, M., et Capy, P. (2017). Diversity and evolution of mariner-like elements in aphid genomes. *BMC genomics*, 18(1), 1-12.

Bourque, G., Burns, K. H., Gehring, M., Gorbunova, V., Seluanov, A., Hammell, M., ... et Feschotte, C. (2018). Ten things you should know about transposable elements. *Genome biology*, *19*(1), 1-12.

Brookfield, J. F., et Johnson, L. J. (2006). The evolution of mobile DNAs: when will transposons create phylogenies that look as if there is a master gene?. *Genetics*, *173*(2), 1115-1123.

Brown, J. K., Coats, S. A., Bedford, I. D., Markham, P. G., Bird, J., et Frohlich, D. R. (1995). Characterization and distribution of esterase electromorphs in the whitefly, *Bemisia tabaci* (Genn.)(Homoptera: Aleyrodidae). *Biochemical genetics*, *33*(7), 205-214.

Buckner, J. S., Freeman, T. P., Ruud, R. L., Chu, C. C., et Henneberry, T. J. (2002). Characterization and functions of the whitefly egg pedicel. *Archives of Insect Biochemistry and Physiology: Published in Collaboration with the Entomological Society of America*, *49*(1), 22-33.

Burt, A., et Crisanti, A. (2018). Gene drive: evolved and synthetic. *ACS chemical biology*, *13*(2), 343-346.

Byrne, D. N., et Bellows Jr, T. S. (1991). Whitefly biology. *Annual review of entomology*, *36*(1), 431-457.

~C~

Cantarel, B. L., Korf, I., Robb, S. M., Parra, G., Ross, E., Moore, B., ... et Yandell, M. (2008). MAKER: an easy-to-use annotation pipeline designed for emerging model organism genomes. *Genome research*, *18*(1), 188-196.

Cary, L. C., Goebel, M., Corsaro, B. G., Wang, H. G., Rosen, E., et Fraser, M. J. (1989). Transposon mutagenesis of baculoviruses: analysis of *Trichoplusia ni* transposon IFP2 insertions within the FP-locus of nuclear polyhedrosis viruses. *Virology*, *172*(1), 156-169.

Casacuberta, E., et González, J. (2013). The impact of transposable elements in environmental adaptation. *Molecular ecology*, *22*(6), 1503-1517.

Casacuberta, J. M., et Santiago, N. (2003). Plant LTR-retrotransposons and MITEs: control of transposition and impact on the evolution of plant genes and genomes. *Gene*, *311*, 1-11.

- Charlesworth, B., et Charlesworth, D. (1983). The population dynamics of transposable elements. *Genetics Research*, 42(1), 1-27.
- Chen, W., Hasegawa, D. K., Arumuganathan, K., Simmons, A. M., Wintermantel, W. M., Fei, Z., et Ling, K. S. (2015). Estimation of the whitefly *Bemisia tabaci* genome size based on k-mer and flow cytometric analyses. *Insects*, 6(3), 704-715.
- Chen, W., Hasegawa, D. K., Kaur, N., Kliot, A., Pinheiro, P. V., Luan, J., ... et Fei, Z. (2016). The draft genome of whitefly *Bemisia tabaci* MEAM1, a global crop pest, provides novel insights into virus transmission, host adaptation, and insecticide resistance. *BMC biology*, 14(1), 1-15.
- Chenna, R., Sugawara, H., Koike, T., Lopez, R., Gibson, T. J., Higgins, D. G., et Thompson, J. D. (2003). Multiple sequence alignment with the Clustal series of programs. *Nucleic acids research*, 31(13), 3497-3500.
- Chung, H., Bogwitz, M. R., McCart, C., Andrianopoulos, A., Ffrench-Constant, R. H., Batterham, P., et Daborn, P. J. (2007). Cis-regulatory elements in the Accord retrotransposon result in tissue-specific expression of the *Drosophila melanogaster* insecticide resistance gene *Cyp6g1*. *Genetics*, 175(3), 1071-1077.
- Cock, M.J.W. ed. (1986). *Bemisia tabaci* - a literature survey on the cotton whitefly with an annotated bibliography. C.A.B. International Institute of Biological Control, Silwood Park, Ascot, Berks: 121 pp.
- COEN, E. S. (1989). Consequences and mechanisms of transposition in *Antirrhinum majus*. *Mobile DNA*, 413-436.
- Cohen, S., et Harpaz, I. (1964). periodic, rather than continual acquisition of a new tomato virus by its vector, the tobacco whitefly (*Bemisia tabaci gennadius*) 1. *Entomologia experimentalis et Applicata*, 7(2), 155-166.
- Comfort, N. C. (2001). From controlling elements to transposons: Barbara McClintock and the Nobel Prize. *TRENDS in Genetics*, 17(8), 475-478.
- Cordaux, R., et Batzer, M. A. (2009). The impact of retrotransposons on human genome evolution. *Nature reviews genetics*, 10(10), 691-703.
- Corpet, F. (1988). Multiple sequence alignment with hierarchical clustering. *Nucleic acids research*, 16(22), 10881-10890.

Costa, H. S., et Brown, J. K. (1991). Variation in biological characteristics and esterase patterns among populations of *Bemisia tabaci*, and the association of one population with silverleaf symptom induction. *Entomologia experimentalis et applicata*, 61(3), 211-219.

Costa, H. S., Brown, J. K., Sivasupramaniam, S., et Bird, J. (1993). Regional distribution, insecticide resistance, and reciprocal crosses between the A and B biotypes of *Bemisia tabaci*. *International Journal of Tropical Insect Science*, 14(2), 255-266.

Costa, H. S., Westcot, D. M., Ullman, D. E., et Johnson, M. W. (1993). Ultrastructure of the endosymbionts of the whitefly, *Bemisia tabaci* and *Trialeurodes vaporariorum*. *Protoplasma*, 176(3), 106-115.

Coudriet, D. L., Prabhaker, N., et Meyerdirk, D. E. (1985). Sweetpotato whitefly (Homoptera: Aleyrodidae): Effects of neem-seed extract on oviposition and immature stages. *Environmental entomology*, 14(6), 776-779.

Crescente, J. M., Zavallo, D., Helguera, M., et Vanzetti, L. S. (2018). MITE Tracker: an accurate approach to identify miniature inverted-repeat transposable elements in large genomes. *BMC bioinformatics*, 19(1), 1-10.

Cresse, A. D., Hulbert, S. H., Brown, W. E., Lucas, J. R., et Bennetzen, J. L. (1995). Mu1-related transposable elements of maize preferentially insert into low copy number DNA. *Genetics*, 140(1), 315-324.

Curcio, M. J., et Derbyshire, K. M. (2003). The outs and ins of transposition: from mu to kangaroo. *Nature Reviews Molecular Cell Biology*, 4(11), 865-877.

Czosnek, H., et Laterrot, H. (1997). A worldwide survey of tomato yellow leaf curl viruses. *Archives of virology*, 142(7), 1391-1406.

~D~

Dai, X., Wang, H., Dvorak, J., Bennetzen, J., Mueller, H. G., et Dai, M. X. (2018). Package 'TE'.

De Barro, P. J. (2012). The *Bemisia tabaci* species complex: questions to guide future research. *Journal of Integrative Agriculture*, 11(2), 187-196.

De Barro, P., et Ahmed, M. Z. (2011). Genetic networking of the *Bemisia tabaci* cryptic species complex reveals pattern of biological invasions. *PLoS One*, 6(10), e25579.

- de Freitas Ortiz, M., Lorenzatto, K. R., Corrêa, B. R. S., et Loreto, E. L. S. (2010). hAT transposable elements and their derivatives: an analysis in the 12 *Drosophila* genomes. *Genetica*, 138(6), 649-655.
- Delatte, H., Duyck, P. F., Triboire, A., David, P., Becker, N., Bonato, O., et Reynaud, B. (2009). Differential invasion success among biotypes: case of *Bemisia tabaci*. *Biological Invasions*, 11(4), 1059-1070.
- Delcher, A. L., Phillippy, A., Carlton, J., et Salzberg, S. L. (2002). Fast algorithms for large-scale genome alignment and comparison. *Nucleic acids research*, 30(11), 2478-2483.
- Delcher, A. L., Salzberg, S. L., et Phillippy, A. M. (2003). Using MUMmer to identify similar regions in large sequence sets. *Current protocols in bioinformatics*, (1), 10-3.
- Denholm, I., Cahill, M., Dennehy, T. J., et Horowitz, A. R. (1998). Challenges with managing insecticide resistance in agricultural pests, exemplified by the whitefly *Bemisia tabaci*. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 353(1376), 1757-1767.
- Dennehy, T. J., et Williams III, L. (1997). Management of resistance in *Bemisia* in Arizona cotton. *Pesticide Science*, 51(3), 398-406.
- Dias, E. S., et Carareto, C. M. A. (2011). msechBari, a new MITE-like element in *Drosophila sechellia* related to the Bari transposon. *Genetics research*, 93(6), 381-385.
- Dinsdale, A., Cook, L., Riginos, C., Buckley, Y. M., et De Barro, P. (2010). Refined global analysis of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Sternorrhyncha: Aleyrodoidea: Aleyrodidae) mitochondrial cytochrome oxidase 1 to identify species level genetic boundaries. *Annals of the Entomological Society of America*, 103(2), 196-208.
- do Nascimento Silva J, GM Mascarin, R de Paula Vieira de Castro, LR Castilho et DM Freire. (2019) *Novel combination of a biosurfactant with entomopathogenic fungi enhances efficacy against*
- Dodd, I. B., et Egan, J. B. (1990). Improved detection of helix-turn-helix DNA-binding motifs in protein sequences. *Nucleic acids research*, 18(17), 5019-5026.
- Doolittle, W. F., et Sapienza, C. (1980). Selfish genes, the phenotype paradigm and genome evolution. *Nature*, 284(5757), 601-603.

Drost, Y. C., Van Lenteren, J. C., et Van Roermund, H. J. W. (1998). Life-history parameters of different biotypes of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) in relation to temperature and host plant: a selective review. *Bulletin of Entomological Research*, 88(3), 219-230.

Du, C., Caronna, J., He, L., et Dooner, H. K. (2008). Computational prediction and molecular confirmation of Helitron transposons in the maize genome. *Bmc Genomics*, 9(1), 1-10.

Duffus, J. E., Liu, H. Y., et Wisler, G. C. (1996a). Tomato infectious chlorosis virus—A new clostero-like virus transmitted by *Trialeurodes vaporariorum*. *European Journal of Plant Pathology*, 102(3), 219-226.

Duffus, J. E., Liu, H. Y., Wisler, G. C., et Li, R. (1996b). Lettuce chlorosis virus—A new whitefly-transmitted clostero-virus. *European Journal of Plant Pathology*, 102(6), 591-596.

Dupeyron, M., Baril, T., Bass, C., et Hayward, A. (2020). Phylogenetic analysis of the Tc1/mariner superfamily reveals the unexplored diversity of pogo-like elements. *Mobile DNA*, 11(1), 1-14.

~E~

Eickbush, T. H., et Furano, A. V. (2002). Fruit flies and humans respond differently to retrotransposons. *Current opinion in genetics et development*, 12(6), 669-674.

Elbert, A., et Nauen, R. (1996, November). Bioassays for imidacloprid for resistance monitoring against the whitefly *Bemisia tabaci*. In *BRIGHTON CROP PROTECTION CONFERENCE PESTS AND DISEASES* (Vol. 2, pp. 731-738).

Elbert, A., et Nauen, R. (2000). Resistance of *Bemisia tabaci* (Homoptera: Aleyrodidae) to insecticides in southern Spain with special reference to neonicotinoids. *Pest Management Science: formerly Pesticide Science*, 56(1), 60-64.

El-Helaly, M. S., El-Shazli, A. Y., et El-Gayar, F. H. (1971). Morphological Studies on Immature Stages of *Bemisia tabaci*, Gennadius (Homoptera, Aleyrodidae) 1. *Zeitschrift für Angewandte Entomologie*, 68(1-4), 403-408.

Ellinghaus, D., Kurtz, S., et Willhoeft, U. (2008). LTRharvest, an efficient and flexible software for de novo detection of LTR retrotransposons. *BMC bioinformatics*, 9(1), 1-14.

Ellsworth, P. C., et Martinez-Carrillo, J. L. (2001). IPM for *Bemisia tabaci*: a case study from North America. *Crop protection*, 20(9), 853-869.

Elsik, C. G., Tellam, R. L., Worley, K. C., Gibbs, R. A., Muzny, D. M., ... et Hitchens, M. E. (2009). The genome sequence of taurine cattle: a window to ruminant biology and evolution. *Science*, *324*(5926), 522-528.

Emmons, S. W., Yesner, L., et Katzenberg, D. (1983). Evidence for a transposon in *Caenorhabditis elegans*. *Cell*, *32*(1), 55-65.

Evgen'ev, M. B., et Arkhipova, I. R. (2005). Penelope-like elements—a new class of retroelements: distribution, function and possible evolutionary significance. *Cytogenetic and genome research*, *110*(1-4), 510-521.

~F~

Fattash, I., Rooke, R., Wong, A., Hui, C., Luu, T., Bhardwaj, P., et Yang, G. (2013). Miniature inverted-repeat transposable elements: discovery, distribution, and activity. *Genome*, *56*(9), 475-486.

Fawcett, D. H., Lister, C. K., Kellett, E., et Finnegan, D. J. (1986). Transposable elements controlling IR hybrid dysgenesis in *D. melanogaster* are similar to mammalian LINES. *Cell*, *47*(6), 1007-1015.

Fernández-Medina, R. D., Granzotto, A., Ribeiro, J. M., et Carareto, C. M. A. (2016). Transposition burst of mariner-like elements in the sequenced genome of *Rhodnius prolixus*. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, *69*, 14-24.

Ferreira de Carvalho, J., de Jager, V., van Gorp, T. P., Wagemaker, N. C., et Verhoeven, K. J. (2016). Recent and dynamic transposable elements contribute to genomic divergence under asexuality. *BMC genomics*, *17*(1), 1-12.

Feschotte, C. (2004). Merlin, a new superfamily of DNA transposons identified in diverse animal genomes and related to bacterial IS 1016 insertion sequences. *Molecular Biology and Evolution*, *21*(9), 1769-1778

Feschotte, C., et Pritham, E. J. (2007). DNA transposons and the evolution of eukaryotic genomes. *Annu. Rev. Genet.*, *41*, 331-368.

Filée, J., Rouault, J. D., Harry, M., et Hua-Van, A. (2015). Mariner transposons are sailing in the genome of the blood-sucking bug *Rhodnius prolixus*. *BMC genomics*, *16*(1), 1-17.

Finn, R. D., Clements, J., et Eddy, S. R. (2011). HMMER web server: interactive sequence similarity searching. *Nucleic acids research*, 39(suppl_2), W29-W37.

Finn, R. D., Coghill, P., Eberhardt, R. Y., Eddy, S. R., Mistry, J., Mitchell, A. L., ... et Bateman, A. (2016). The Pfam protein families database: towards a more sustainable future. *Nucleic acids research*, 44(D1), D279-D285.

Finnegan, D. J. (1989). Eukaryotic transposable elements and genome evolution. *Trends in genetics*, 5, 103-107.

Firdaus, S., Vosman, B., Hidayati, N., Jaya Supena, E. D., GF Visser, R., et van Heusden, A. W. (2013). The Bemisia tabaci species complex: additions from different parts of the world. *Insect Science*, 20(6), 723-733.

Flutre, T., Duprat, E., Feuillet, C., et Quesneville, H. (2011). Considering transposable element diversification in de novo annotation approaches. *PloS one*, 6(1), e16526.

Flynn, J. M., Hubley, R., Goubert, C., Rosen, J., Clark, A. G., Feschotte, C., et Smit, A. F. (2020). RepeatModeler2 for automated genomic discovery of transposable element families. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 117(17), 9451-9457.

Fortes, I. M., Fernández-Muñoz, R., et Moriones, E. (2020). Host Plant Resistance to Bemisia tabaci to control damage caused in tomato plants by the emerging crinivirus tomato chlorosis virus. *Frontiers in plant science*, 11, 585510.

Frank, J. A., et Feschotte, C. (2017). Co-option of endogenous viral sequences for host cell function. *Current opinion in virology*, 25, 81-89.

Freeling, M., Xu, J., Woodhouse, M., et Lisch, D. (2015). A solution to the C-value paradox and the function of junk DNA: the genome balance hypothesis. *Molecular Plant*, 8(6), 899-910.

~G~

Galun, E. (2003). *Transposable elements: a guide to the perplexed and the novice with appendices on RNAi, chromatin remodeling and gene tagging*. Springer Science et Business Media.

Garcia-Fernandez, J., Bayascas-Ramirez, J. R., Marfany, G., Munoz-Marmol, A. M., Casali, A., Baguna, J., et Saló, E. (1995). High copy number of highly similar mariner-like transposons

in planarian (Platyhelminthe): evidence for a trans-phyla horizontal transfer. *Molecular biology and evolution*, 12(3), 421-431.

Gennadius, P. (1889). Disease of tobacco plantations in the Trikonía. *The aleurodid of tobacco. Ellenike Georgia*, 5, 1-3.

Gerling, D. (1984). The overwintering mode of *Bemisia tabaci* and its parasitoids in Israel. *Phytoparasitica*, 12(2), 109-118.

Gerling, D., Alomar, Ò., et Arnò, J. (2001). Biological control of *Bemisia tabaci* using predators and parasitoids. *Crop Protection*, 20(9), 779-799.

Goerner-Potvin, P., et Bourque, G. (2018). Computational tools to unmask transposable elements. *Nature Reviews Genetics*, 19(11), 688-704.

Goodwin, T. J., et Poulter, R. T. (2001). The DIRS1 group of retrotransposons. *Molecular biology and evolution*, 18(11), 2067-2082.

Goodwin, T. J., Butler, M. I., et Poulter, R. T. (2003). Cryptons: a group of tyrosine-recombinase-encoding DNA transposons from pathogenic fungi. *Microbiology*, 149(11), 3099-3109.

Goubert, C., Modolo, L., Vieira, C., ValienteMoro, C., Mavingui, P., et Boulesteix, M. (2015). De novo assembly and annotation of the Asian tiger mosquito (*Aedes albopictus*) repeatome with dnaPipeTE from raw genomic reads and comparative analysis with the yellow fever mosquito (*Aedes aegypti*). *Genome biology and evolution*, 7(4), 1192-1205.

Grace, C. A., et Carr, M. (2020). The evolutionary history of mariner elements in stalk-eyed flies reveals the horizontal transfer of transposons from insects into the genome of the cnidarian *Hydra vulgaris*. *PloS one*, 15(7), e0235984.

Greene, B., Walko, R., et Hake, S. (1994). Mutator insertions in an intron of the maize knotted1 gene result in dominant suppressible mutations. *Genetics*, 138(4), 1275-1285.

Gregory, T. R., et Johnston, J. S. (2008). Genome size diversity in the family Drosophilidae. *Heredity*, 101(3), 228-238.

Gueguen, G., Vavre, F., Gnankine, O., Peterschmitt, M., Charif, D., Chiel, E., ... et Fleury, F. (2010). Endosymbiont metacommunities, mtDNA diversity and the evolution of the *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) species complex. *Molecular Ecology*, 19(19), 4365-4376.

Guermónprez, H., Hénaff, E., Cifuentes, M., et Casacuberta, J. M. (2012). MITEs, miniature elements with a major role in plant genome evolution. In *Plant Transposable Elements* (pp. 113-124). Springer, Berlin, Heidelberg.

Guermónprez, H., Loot, C., et Casacuberta, J. M. (2008). Different strategies to persist: the pogo-like Lemi 1 transposon produces miniature inverted-repeat transposable elements or typical defective elements in different plant genomes. *Genetics*, 180(1), 83-92.

Guindon, S., Dufayard, J. F., Lefort, V., Anisimova, M., Hordijk, W., et Gascuel, O. (2010). New algorithms and methods to estimate maximum-likelihood phylogenies: assessing the performance of PhyML 3.0. *Systematic biology*, 59(3), 307-321.

Guo, L., Zhang, Z., Xu, W., Ma, J., Liang, N., Li, C., & Chu, D. (2022). Expression profile of CYP402C1 and its role in resistance to imidacloprid in the whitefly, *Bemisia tabaci*. *Insect Science*.

Gurevich, A., Saveliev, V., Vyahhi, N., et Tesler, G. (2013). QUASt: quality assessment tool for genome assemblies. *Bioinformatics*, 29(8), 1072-1075.

~H~

Han, M. J., Zhou, Q. Z., Zhang, H. H., Tong, X., Lu, C., Zhang, Z., et Dai, F. (2016). iMITEdb: the genome-wide landscape of miniature inverted-repeat transposable elements in insects. *Database*, 2016.

Harakly, F. A. (1974). Preliminary survey of pests infesting solanaceous truck crops in Egypt. *Bulletin de la Societe Entomologique d'Egypte*, 58, 133-140.

He, C., Liu, S., Liang, J., Zeng, Y., Wang, S., Wu, Q., ... et Zhang, Y. (2020). Genome-wide identification and analysis of nuclear receptors genes for lethal screening against *Bemisia tabaci* Q. *Pest management science*, 76(6), 2040-2048.

Heinz, K. M., et Nelson, J. M. (1996). Interspecific Interactions among Natural Enemies of *Bemisia* in an Inundative Biological Control Program. *Biological Control*, 6(3), 384-393.

Herédia, F., Loreto, E. L. S., et Valente, V. L. S. (2004). Complex evolution of gypsy in *Drosophilid* species. *Molecular biology and evolution*, 21(10), 1831-1842.

Heu, C. C., McCullough, F. M., Luan, J., et Rasgon, J. L. (2020). CRISPR-Cas9-based genome editing in the silverleaf whitefly (*Bemisia tabaci*). *The CRISPR journal*, 3(2), 89-96.

- Hirsch, C. D., et Springer, N. M. (2017). Transposable element influences on gene expression in plants. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Gene Regulatory Mechanisms*, 1860(1), 157-165.
- Hoede, C., Arnoux, S., Moisset, M., Chaumier, T., Inizan, O., Jamilloux, V., et Quesneville, H. (2014). PASTEC: an automatic transposable element classification tool. *PloS one*, 9(5), e91929.
- Hoen, D. R., Hickey, G., Bourque, G., Casacuberta, J., Cordaux, R., Feschotte, C., ... et Blanchette, M. (2015). A call for benchmarking transposable element annotation methods. *Mobile DNA*, 6(1), 1-9.
- Hood, M. E. (2005). Repetitive DNA in the automicitic fungus *Microbotryum violaceum*. *Genetica*, 124(1), 1-10.
- Horowitz, A. R., et Ishaaya, I. (1995). Chemical control of Bemisia-management and application. *Bemisia*, 537-556.
- Horowitz, A. R., Ghanim, M., Roditakis, E., Nauen, R., et Ishaaya, I. (2020). Insecticide resistance and its management in Bemisia tabaci species. *Journal of Pest Science*, 93(3), 893-910.
- Horowitz, A. R., Kontsedalov, S., et Ishaaya, I. (2004). Dynamics of resistance to the neonicotinoids acetamiprid and thiamethoxam in Bemisia tabaci (Homoptera: Aleyrodidae). *Journal of economic entomology*, 97(6), 2051-2056.
- Hu, J., Zheng, Y., et Shang, X. (2018). MiteFinderII: a novel tool to identify miniature inverted-repeat transposable elements hidden in eukaryotic genomes. *BMC medical genomics*, 11(5), 51-59.
- Huang, S., Tao, X., Yuan, S., Zhang, Y., Li, P., Beilinson, H. A., ... et Xu, A. (2016). Discovery of an active RAG transposon illuminates the origins of V (D) J recombination. *Cell*, 166(1), 102-114.
- Huang, X. (1994). On global sequence alignment. *Bioinformatics*, 10(3), 227-235.
- Hughes, S. H. (2015). Reverse transcription of retroviruses and LTR retrotransposons. *Mobile DNA III*, 1051-1077.

Ivancevic, A. M., Kortschak, R. D., Bertozzi, T., et Adelson, D. L. (2018). Horizontal transfer of BovB and L1 retrotransposons in eukaryotes. *Genome biology*, 19(1), 1-13.

~J~

Jacobson, J. W., Medhora, M. M., et Hartl, D. L. (1986). Molecular structure of a somatically unstable transposable element in *Drosophila*. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 83(22), 8684-8688.

Jehle, J. A., Nickel, A., Vlak, J. M., et Backhaus, H. (1998). Horizontal escape of the novel Tc1-like lepidopteran transposon TCp3. 2 into *Cydia pomonella* granulovirus. *Journal of Molecular Evolution*, 46(2), 215-224.

Jiang, N., Bao, Z., Zhang, X., Eddy, S. R., et Wessler, S. R. (2004). Pack-MULE transposable elements mediate gene evolution in plants. *Nature*, 431(7008), 569-573.

Joly-Lopez, Z., et Bureau, T. E. (2018). Exaptation of transposable element coding sequences. *Current opinion in genetics et development*, 49, 34-42.

Jones, D. R. (2003). Plant viruses transmitted by whiteflies. *European journal of plant pathology*, 109(3), 195-219.

Jurka, J., Kapitonov, V. V., Kohany, O., et Jurka, M. V. (2007). Repetitive sequences in complex genomes: structure and evolution. *Annual review of genomics and human genetics*, 8(1), 241-259.

Jurka, J., Klonowski, P., Dagman, V., et Pelton, P. (1996). CENSOR—a program for identification and elimination of repetitive elements from DNA sequences. *Computers et chemistry*, 20(1), 119-121.

~K~

Kajikawa, M., et Okada, N. (2002). LINEs mobilize SINEs in the eel through a shared 3' sequence. *Cell*, 111(3), 433-444.

Kajitani, R., Toshimoto, K., Noguchi, H., Toyoda, A., Ogura, Y., Okuno, M., ... et Itoh, T. (2014). Efficient de novo assembly of highly heterozygous genomes from whole-genome shotgun short reads. *Genome research*, 24(8), 1384-1395.

- Kalendar, R., Vicent, C. M., Peleg, O., Anamthawat-Jonsson, K., Bolshoy, A., et Schulman, A. H. (2004). Large retrotransposon derivatives: abundant, conserved but nonautonomous retroelements of barley and related genomes. *Genetics*, *166*(3), 1437-1450.
- Kalyanaraman, A., et Aluru, S. (2006). Efficient algorithms and software for detection of full-length LTR retrotransposons. *Journal of bioinformatics and computational biology*, *4*(02), 197-216.
- Kanakala, S., et Ghanim, M. (2019). Global genetic diversity and geographical distribution of *Bemisia tabaci* and its bacterial endosymbionts. *PLoS One*, *14*(3), e0213946.
- Kapitonov, V. V., et Jurka, J. (2001). Rolling-circle transposons in eukaryotes. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *98*(15), 8714-8719.
- Kapitonov, V. V., et Jurka, J. (2003). Molecular paleontology of transposable elements in the *Drosophila melanogaster* genome. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *100*(11), 6569-6574.
- Kapitonov, V. V., et Jurka, J. (2005). RAG1 core and V (D) J recombination signal sequences were derived from Transib transposons. *PLoS biology*, *3*(6), e181.
- Kapitonov, V. V., et Jurka, J. (2006). Self-synthesizing DNA transposons in eukaryotes. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *103*(12), 4540-4545.
- Kapitonov, V. V., et Jurka, J. (2008). A universal classification of eukaryotic transposable elements implemented in Repbase. *Nature Reviews Genetics*, *9*(5), 411-412.
- Kapitonov, V. V., et Koonin, E. V. (2015). Evolution of the RAG1-RAG2 locus: both proteins came from the same transposon. *Biology direct*, *10*(1), 1-8.
- Kapusta, A., et Suh, A. (2017). Evolution of bird genomes—a transposon's-eye view. *Annals of the New York Academy of Sciences*, *1389*(1), 164-185.
- Kaufman, P. D., Doll, R. F., et Rio, D. C. (1989). *Drosophila* P element transposase recognizes internal P element DNA sequences. *Cell*, *59*(2), 359-371.
- Kazazian Jr, H. H. (2004). Mobile elements: drivers of genome evolution. *science*, *303*(5664), 1626-1632.

- Kelley, D. R., Hendrickson, D. G., Tenen, D., et Rinn, J. L. (2014). Transposable elements modulate human RNA abundance and splicing via specific RNA-protein interactions. *Genome biology*, *15*(12), 1-16.
- Kelley, J. L., Peyton, J. T., Fiston-Lavier, A. S., Teets, N. M., Yee, M. C., Johnston, J. S., ... et Denlinger, D. L. (2014a). Compact genome of the Antarctic midge is likely an adaptation to an extreme environment. *Nature communications*, *5*(1), 1-8.
- Kelley, J. M., Kraft-Todd, G., Schapira, L., Kossowsky, J., et Riess, H. (2014b). The influence of the patient-clinician relationship on healthcare outcomes: a systematic review and meta-analysis of randomized controlled trials. *PloS one*, *9*(4), e94207.
- Kelley, L. A., Mezulis, S., Yates, C. M., Wass, M. N., et Sternberg, M. J. (2015). The Phyre2 web portal for protein modeling, prediction and analysis. *Nature protocols*, *10*(6), 845-858.
- Kidwell, M. G. (2002). Transposable elements and the evolution of genome size in eukaryotes. *Genetica*, *115*(1), 49-63.
- Kidwell, M. G., et Lisch, D. R. (2001). Perspective: transposable elements, parasitic DNA, and genome evolution. *Evolution*, *55*(1), 1-24.
- Kim, E. H., et Aoki, T. (1994). The transposon-like structure of IS26-tetracycline, and kanamycin resistance determinant derived from transferable R plasmid of fish pathogen, *Pasteurella piscicida*. *Microbiology and immunology*, *38*(1), 31-38.
- Kimura, K., et Kidwell, M. G. (1994). Differences in P element population dynamics between the sibling species *Drosophila melanogaster* and *Drosophila simulans*. *Genetics Research*, *63*(1), 27-38.
- Koch, P., Platzer, M., et Downie, B. R. (2014). RepARK—de novo creation of repeat libraries from whole-genome NGS reads. *Nucleic acids research*, *42*(9), e80-e80.
- Kohany, O., Gentles, A. J., Hankus, L., et Jurka, J. (2006). Annotation, submission and screening of repetitive elements in Repbase: RepbaseSubmitter and Censor. *BMC bioinformatics*, *7*(1), 1-7.
- Kojima, K. K. (2019). Structural and sequence diversity of eukaryotic transposable elements. *Genes et Genetic Systems*, *94*(6), 233-252.

Kojima, K. K., et Jurka, J. (2011). Crypton transposons: identification of new diverse families and ancient domestication events. *Mobile DNA*, 2(1), 1-17.

Kolpakov, R., Bana, G., et Kucherov, G. (2003). mreps: efficient and flexible detection of tandem repeats in DNA. *Nucleic acids research*, 31(13), 3672-3678.

Korf, I. (2004). Gene finding in novel genomes. *BMC bioinformatics*, 5(1), 1-9.

Kriegs, J. O., Matzke, A., Churakov, G., Kuritzin, A., Mayr, G., Brosius, J., et Schmitz, J. (2007). Waves of genomic hitchhikers shed light on the evolution of gamebirds (Aves: Galliformes). *BMC Evolutionary Biology*, 7(1), 1-11.

Kumar, D., Singh, U., Kumar Singh, S., et Kumar Chaurasia, P. (2018). A new lifetime distribution: Some of its statistical properties and application. *Journal of Statistics Applications et Probability*, 7(3), 413-422.

Kurtz, S., et Schleiermacher, C. (1999). REPuter: fast computation of maximal repeats in complete genomes. *Bioinformatics (Oxford, England)*, 15(5), 426-427.

Kurtz, S., Choudhuri, J. V., Ohlebusch, E., Schleiermacher, C., Stoye, J., et Giegerich, R. (2001). REPuter: the manifold applications of repeat analysis on a genomic scale. *Nucleic acids research*, 29(22), 4633-4642.

Kurtz, S., Narechania, A., Stein, J. C., et Ware, D. (2008). A new method to compute K-mer frequencies and its application to annotate large repetitive plant genomes. *BMC genomics*, 9(1), 1-18.

~L~

Lacey, L. A., Wraight, S. P., et Kirk, A. A. (2008). Entomopathogenic fungi for control of *Bemisia tabaci* biotype B: foreign exploration, research and implementation. In *Classical biological control of Bemisia tabaci in the United States-a review of interagency research and implementation* (pp. 33-69). Springer, Dordrecht.

Laetsch, D. R., et Blaxter, M. L. (2017). BlobTools: Interrogation of genome assemblies. *F1000Research*, 6(1287), 1287.

Langfield, K. L. (2017). *Characterisation of neonicotinoid resistance in the cotton aphid, Aphis gossypii from Australian cotton* (Doctoral dissertation).

- Lathe 3rd, W. C., et Eickbush, T. H. (1997). A single lineage of r2 retrotransposable elements is an active, evolutionarily stable component of the *Drosophila* rDNA locus. *Molecular biology and evolution*, *14*(12), 1232-1241.
- Lathe 3rd, W. C., Burke, W. D., Eickbush, D. G., et Eickbush, T. H. (1995). Evolutionary stability of the R1 retrotransposable element in the genus *Drosophila*. *Molecular biology and evolution*, *12*(6), 1094-1105.
- Lavoie, C. A., Platt, R. N., Novick, P. A., Counterman, B. A., et Ray, D. A. (2013). Transposable element evolution in *Heliconius* suggests genome diversity within Lepidoptera. *Mobile DNA*, *4*(1), 1-10.
- Le Rouzic, A., et Decelie, G. (2005). Models of the population genetics of transposable elements. *Genetics Research*, *85*(3), 171-181.
- Le Rouzic, A., Payen, T., et Hua-Van, A. (2013). Reconstructing the evolutionary history of transposable elements. *Genome biology and evolution*, *5*(1), 77-86.
- Le, Q. H., Turcotte, K., et Bureau, T. (2001). Tc8, a Tourist-like transposon in *Caenorhabditis elegans*. *Genetics*, *158*(3), 1081-1088.
- Lee, C. C., Beall, E. L., et Rio, D. C. (1998). DNA binding by the KP repressor protein inhibits P-element transposase activity in vitro. *The EMBO Journal*, *17*(14), 4166-4174.
- Lee, W., Park, J., Lee, G. S., Lee, S., et Akimoto, S. I. (2013). Taxonomic status of the *Bemisia tabaci* complex (Hemiptera: Aleyrodidae) and reassessment of the number of its constituent species. *PloS one*, *8*(5), e63817.
- Lefebvre, A., Lecroq, T., Dauchel, H., et Alexandre, J. (2003). FORRepeats: detects repeats on entire chromosomes and between genomes. *Bioinformatics*, *19*(3), 319-326.
- Legaspi, J. C., Correa, J. A., Carruthers, R. I., Legaspi Jr, B. C., et Nordlund, D. A. (1996). Effect of short-term releases of *Chrysoperla rufilabris* (Neuroptera: Chrysopidae) against silverleaf whitefly (Homoptera: Aleyrodidae) in field cages. *Journal of Entomological Science*, *31*(1), 102-111.
- Leroy, H., Castagnone-Sereno, P., Renault, S., Augé-Gouillou, C., Bigot, Y., et Abad, P. (2003). Characterization of Mymar1, a mariner-like element with large inverted terminal repeats (ITRs) from the phytoparasitic nematode *Meloidogyne chitwoodi*. *Gene*, *304*, 35-41.

Levin, H. L., et Moran, J. V. (2011). Dynamic interactions between transposable elements and their hosts. *Nature Reviews Genetics*, 12(9), 615-627.

Li, R., Ye, J., Li, S., Wang, J., Han, Y., Ye, C., ... et Wang, J. (2005). ReAS: Recovery of ancestral sequences for transposable elements from the unassembled reads of a whole genome shotgun. *PLoS computational biology*, 1(4), e43.

Lin, J. R., et Hu, J. (2013). SeqNLS: nuclear localization signal prediction based on frequent pattern mining and linear motif scoring. *PloS one*, 8(10), e76864.

Lisch, D. (2015). Mutator and MULE transposons. *Mobile DNA III*, 801-826.

Lohe, A. R., Moriyama, E. N., Lidholm, D. A., et Hartl, D. L. (1995). Horizontal transmission, vertical inactivation, and stochastic loss of mariner-like transposable elements. *Molecular biology and evolution*, 12(1), 62-72.

Lu, C., Chen, J., Zhang, Y., Hu, Q., Su, W., et Kuang, H. (2012). Miniature inverted-repeat transposable elements (MITEs) have been accumulated through amplification bursts and play important roles in gene expression and species diversity in *Oryza sativa*. *Molecular biology and evolution*, 29(3), 1005-1017.

~M~

Ma, Z., Li, C., Pan, G., Li, Z., Han, B., Xu, J., ... et Zhou, Z. (2013). Genome-wide transcriptional response of silkworm (*Bombyx mori*) to infection by the microsporidian *Nosema bombycis*. *PloS one*, 8(12), e84137.

Macko-Podgórní, A., Machaj, G., et Grzebelus, D. (2021). A global landscape of miniature inverted-repeat transposable elements in the carrot genome. *Genes*, 12(6), 859.

Makałowski, W., Gotea, V., Pande, A., et Makałowska, I. (2019). Transposable elements: Classification, identification, and their use as a tool for comparative genomics. In *Evolutionary Genomics* (pp. 177-207). Humana, New York, NY.

Martin, S. L. (2006). The ORF1 protein encoded by LINE-1: structure and function during L1 retrotransposition. *Journal of Biomedicine and Biotechnology*, 2006.

Martin, S. L. (2010). Nucleic acid chaperone properties of ORF1p from the non-LTR retrotransposon, LINE-1. *RNA biology*, 7(6), 706-711.

- Martin, S. L., Cruceanu, M., Branciforte, D., Li, P. W. L., Kwok, S. C., Hodges, R. S., et Williams, M. C. (2005). LINE-1 retrotransposition requires the nucleic acid chaperone activity of the ORF1 protein. *Journal of molecular biology*, 348(3), 549-561.
- Maynard, D. N., et Cantliffe, D. J. (1989). *Squash silverleaf and tomato irregular ripening: new vegetable disorders in Florida* (No. RESEARCH). University of Florida.
- McCarthy, E. M., et McDonald, J. F. (2003). LTR_STRUC: a novel search and identification program for LTR retrotransposons. *Bioinformatics*, 19(3), 362-367.
- McClintock, B. (1950). The origin and behavior of mutable loci in maize. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 36(6), 344-355.
- Messier, T. L., O'Neill, J. P., Hou, S. M., Nicklas, J. A., et Finette, B. A. (2003). In vivo transposition mediated by V (D) J recombinase in human T lymphocytes. *The EMBO Journal*, 22(6), 1381-1388.
- Miskey, C., Papp, B., Mátés, L., Sinzelle, L., Keller, H., Izsvák, Z., et Ivics, Z. (2007). The ancient mariner sails again: transposition of the human Hsmar1 element by a reconstructed transposase and activities of the SETMAR protein on transposon ends. *Molecular and cellular biology*, 27(12), 4589-4600.
- Mistry, J., Finn, R. D., Eddy, S. R., Bateman, A., et Punta, M. (2013). Challenges in homology search: HMMER3 and convergent evolution of coiled-coil regions. *Nucleic acids research*, 41(12), e121-e121.
- Mita, P., et Boeke, J. D. (2016). How retrotransposons shape genome regulation. *Current opinion in genetics et development*, 37, 90-100.
- Morales, F. J., et Anderson, P. K. (2001). The emergence and dissemination of whitefly-transmitted geminiviruses in Latin America. *Archives of virology*, 146(3), 415-441.
- Morgante, M., Brunner, S., Pea, G., Fengler, K., Zuccolo, A., et Rafalski, A. (2005). Gene duplication and exon shuffling by helitron-like transposons generate intraspecies diversity in maize. *Nature genetics*, 37(9), 997-1002.

~N~

Naito, K., Zhang, F., Tsukiyama, T., Saito, H., Hancock, C. N., Richardson, A. O., ... et Wessler, S. R. (2009). Unexpected consequences of a sudden and massive transposon amplification on rice gene expression. *Nature*, *461*(7267), 1130-1134.

Naqvi, R. Z., Zaidi, S. S. E. A., Akhtar, K. P., Strickler, S., Woldemariam, M., Mishra, B., ... et Mansoor, S. (2017). Transcriptomics reveals multiple resistance mechanisms against cotton leaf curl disease in a naturally immune cotton species, *Gossypium arboreum*. *Scientific reports*, *7*(1), 1-15.

Naqvi, R. Z., Zaidi, S. S. E. A., Mukhtar, M. S., Amin, I., Mishra, B., Strickler, S., ... et Mansoor, S. (2019). Transcriptomic analysis of cultivated cotton *Gossypium hirsutum* provides insights into host responses upon whitefly-mediated transmission of cotton leaf curl disease. *PloS one*, *14*(2), e0210011.

Naranjo, S. E. (2001). Conservation and evaluation of natural enemies in IPM systems for *Bemisia tabaci*. *Crop protection*, *20*(9), 835-852.

Nauen, R., et Denholm, I. (2005). Resistance of insect pests to neonicotinoid insecticides: current status and future prospects. *Archives of insect biochemistry and physiology: Published in Collaboration with the Entomological Society of America*, *58*(4), 200-215.

Navas-Castillo, J., Fiallo-Olivé, E., et Sánchez-Campos, S. (2011). Emerging virus diseases transmitted by whiteflies. *Annual review of phytopathology*, *49*, 219-248.

Naville, M., Henriot, S., Warren, I., Sumic, S., Reeve, M., Volff, J. N., et Chourrout, D. (2019). Massive changes of genome size driven by expansions of non-autonomous transposable elements. *Current Biology*, *29*(7), 1161-1168.

Naville, M., Warren, I. A., Haftek-Terreau, Z., Chalopin, D., Brunet, F., Levin, P., ... et Volff, J. N. (2016). Not so bad after all: retroviruses and long terminal repeat retrotransposons as a source of new genes in vertebrates. *Clinical Microbiology and Infection*, *22*(4), 312-323.

Nene, V., Wortman, J. R., Lawson, D., Haas, B., Kodira, C., Tu, Z., ... et Severson, D. W. (2007). Genome sequence of *Aedes aegypti*, a major arbovirus vector. *Science*, *316*(5832), 1718-1723.

Novák, P., Neumann, P., Pech, J., Steinhaisl, J., et Macas, J. (2013). RepeatExplorer: a Galaxy-based web server for genome-wide characterization of eukaryotic repetitive elements from next-generation sequence reads. *Bioinformatics*, *29*(6), 792-793.

~O~

O'Hare, K., et Rubin, G. M. (1983). Structures of P transposable elements and their sites of insertion and excision in the *Drosophila melanogaster* genome. *Cell*, 34(1), 25-35.

Ohshima, K., et Okada, N. (2005). SINEs and LINEs: symbionts of eukaryotic genomes with a common tail. *Cytogenetic and genome research*, 110(1-4), 475-490.

Oliveira, M. R. V., Henneberry, T. E., et Anderson, P. (2001). History, current status, and collaborative research projects for *Bemisia tabaci*. *Crop protection*, 20(9), 709-723.

Osanai-Futahashi, M., Suetsugu, Y., Mita, K., et Fujiwara, H. (2008). Genome-wide screening and characterization of transposable elements and their distribution analysis in the silkworm, *Bombyx mori*. *Insect biochemistry and molecular biology*, 38(12), 1046-1057.

~P~

Panini, M., Tozzi, F., Zimmer, C. T., Bass, C., Field, L., Borzatta, V., ... et Moores, G. (2017). Biochemical evaluation of interactions between synergistic molecules and phase I enzymes involved in insecticide resistance in B- and Q-type *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae). *Pest management science*, 73(9), 1873-1882.

Paré-Chamontin, A. (2010). *Contribution au développement d'une organisation vigilante* (Doctoral dissertation, AgroParisTech).

Pastuzyn, E. D., Day, C. E., Kearns, R. B., Kyrke-Smith, M., Taibi, A. V., McCormick, J., ... et Shepherd, J. D. (2018). The neuronal gene arc encodes a repurposed retrotransposon gag protein that mediates intercellular RNA transfer. *Cell*, 172(1-2), 275-288.

Peccoud, J., Loiseau, V., Cordaux, R., et Gilbert, C. (2017). Massive horizontal transfer of transposable elements in insects. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 114(18), 4721-4726.

Pellicer, J., Kelly, L. J., Leitch, I. J., Zomlefer, W. B., et Fay, M. F. (2014). A universe of dwarfs and giants: Genome size and chromosome evolution in the monocot family M elanthiaceae. *New Phytologist*, 201(4), 1484-1497.

- Perring, T. M., Stansly, P. A., Liu, T. X., Smith, H. A., et Andreason, S. A. (2018). Whiteflies: biology, ecology, and management. In *Sustainable management of arthropod pests of tomato* (pp. 73-110). Academic Press.
- Pertea, M., Kim, D., Pertea, G. M., Leek, J. T., et Salzberg, S. L. (2016). Transcript-level expression analysis of RNA-seq experiments with HISAT, StringTie and Ballgown. *Nature protocols*, *11*(9), 1650-1667.
- Petersen, M., Armisen, D., Gibbs, R. A., Hering, L., Khila, A., Mayer, G., ... et Misof, B. (2019). Diversity and evolution of the transposable element repertoire in arthropods with particular reference to insects. *BMC Ecology and Evolution*, *19*(1), 1-15.
- Piegu, B., Bire, S., Arensburger, P., et Bigot, Y. (2015). A survey of transposable element classification systems—a call for a fundamental update to meet the challenge of their diversity and complexity. *Molecular phylogenetics and evolution*, *86*, 90-109.
- Plasterk, R. H., Izsvák, Z., et Ivics, Z. (1999). Resident aliens: the Tc1/mariner superfamily of transposable elements. *Trends in genetics*, *15*(8), 326-332.
- Platt, R. N., Vandewege, M. W., et Ray, D. A. (2018). Mammalian transposable elements and their impacts on genome evolution. *Chromosome Research*, *26*(1), 25-43.
- Prabhaker, N., Toscano, N. C., Castle, S. J., et Henneberry, T. J. (1997). Selection for imidacloprid resistance in silverleaf whiteflies from the Imperial Valley and development of a hydroponic bioassay for resistance monitoring. *Pesticide Science*, *51*(4), 419-428.
- Price, A. L., Jones, N. C., et Pevzner, P. A. (2005). De novo identification of repeat families in large genomes. *Bioinformatics*, *21*(suppl_1), i351-i358.
- Pritham, E. J., et Feschotte, C. (2007). Massive amplification of rolling-circle transposons in the lineage of the bat *Myotis lucifugus*. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *104*(6), 1895-1900.
- Pritham, E. J., Putliwala, T., et Feschotte, C. (2007). Mavericks, a novel class of giant transposable elements widespread in eukaryotes and related to DNA viruses. *Gene*, *390*(1-2), 3-17.

~Q~

Qiu, F., et Ungerer, M. C. (2018). Genomic abundance and transcriptional activity of diverse gypsy and copia long terminal repeat retrotransposons in three wild sunflower species. *BMC plant biology*, 18(1), 1-8.

Quaintance, A. L., et Banks, N. (1900). Contributions toward a monograph of the American Aleurodidae.

Quaintance, A.L. et Baker, A.C. (1914). Classification of the Aleyrodidae Part II. *Technical Series, US Department of Agriculture Bureau of Entomology*, 27, 95–109.

Quesneville, H., Bergman, C. M., Andrieu, O., Autard, D., Nouaud, D., Ashburner, M., et Anxolabehere, D. (2005). Combined evidence annotation of transposable elements in genome sequences. *PLoS computational biology*, 1(2), e22.

Quesneville, H., Nouaud, D., et Anxolabéhère, D. (2003). Detection of new transposable element families in *Drosophila melanogaster* and *Anopheles gambiae* genomes. *Journal of molecular evolution*, 57(1), S50-S59.

Quinlan, A. R., et Hall, I. M. (2010). BEDTools: a flexible suite of utilities for comparing genomic features. *Bioinformatics*, 26(6), 841-842.

~R~

Rehman, M., Chakraborty, P., Tanti, B., Mandal, B., et Ghosh, A. (2021). Occurrence of a new cryptic species of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae): an updated record of cryptic diversity in India. *Phytoparasitica*, 49(5), 869-882.

Rho, M., Choi, J. H., Kim, S., Lynch, M., et Tang, H. (2007). De novo identification of LTR retrotransposons in eukaryotic genomes. *BMC genomics*, 8(1), 1-16.

Richards, O. W., et Davies, R. G. (1977). Hymenoptera. In *Imms' General Textbook of Entomology* (pp. 1175-1279). Springer, Dordrecht.

Rio, D. C., Laski, F. A., et Rubin, G. M. (1986). Identification and immunochemical analysis of biologically active *Drosophila* P element transposase. *Cell*, 44(1), 21-32.

Robertson, H. M., et MacLeod, E. G. (1993). Five major subfamilies of mariner transposable elements in insects, including the Mediterranean fruit fly, and related arthropods. *Insect molecular biology*, 2(3), 125-139.

Robertson, H. M., et Martos, R. (1997). Molecular evolution of the second ancient human mariner transposon, Hsmar2, illustrates patterns of neutral evolution in the human genome lineage. *Gene*, 205(1-2), 219-228.

Robertson, H. M., Soto-Adames, F. N., Walden, K. K., Avancini, R. M., et Lampe, D. J. (2002). The mariner transposons of animals: horizontally jumping genes. In *Horizontal gene transfer* (pp. 173-185). Academic Press.

Roditakis, E., Roditakis, N. E., et Tsagkarakou, A. (2005). Insecticide resistance in *Bemisia tabaci* (Homoptera: Aleyrodidae) populations from Crete. *Pest Management Science: Formerly Pesticide Science*, 61(6), 577-582.

Roopa, H. K., Asokan, R., Rebijith, K. B., Hande, R. H., Mahmood, R., et Kumar, N. K. (2015). Prevalence of a new genetic group, MEAM-K, of the whitefly *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) in Karnataka, India, as evident from mtCOI sequences. *Florida Entomologist*, 1062-1071.

Rouault, J. D., Casse, N., Chénais, B., Hua-Van, A., Filée, J., et Capy, P. (2009). Automatic classification within families of transposable elements: application to the mariner Family. *Gene*, 448(2), 227-232.

Rubin, E., Lithwick, G., et Levy, A. A. (2001). Structure and evolution of the hAT transposon superfamily. *Genetics*, 158(3), 949-957.

Rubio-Cosials, A., Schulz, E. C., Lambertsen, L., Smyshlyaev, G., Rojas-Cordova, C., Forslund, K., ... et Barabas, O. (2018). Transposase-DNA complex structures reveal mechanisms for conjugative transposition of antibiotic resistance. *Cell*, 173(1), 208-220.

Ruvolo, V., Hill, J. E., et Levitt, A. (1992). The Tc2 transposon of *Caenorhabditis elegans* has the structure of a self-regulated element. *DNA and cell biology*, 11(2), 111-122.

~S~

Sabot, F., Sourdille, P., Chantret, N., et Bernard, M. (2006). Morgane, a new LTR retrotransposon group, and its subfamilies in wheats. *Genetica*, 128(1), 439-447.

Sakano, H., Hüppi, K., Heinrich, G., et Tonegawa, S. (1979). Sequences at the somatic recombination sites of immunoglobulin light-chain genes. *Nature*, 280(5720), 288-294.

Salces-Ortiz, J., Vargas-Chavez, C., Guio, L., Rech, G. E., et González, J. (2020). Transposable elements contribute to the genomic response to insecticides in *Drosophila melanogaster*. *Philosophical Transactions of the Royal Society B*, 375(1795), 20190341.

SanMiguel, P., Tikhonov, A., Jin, Y. K., Motchoulskaia, N., Zakharov, D., Melake-Berhan, A., ... et Bennetzen, J. L. (1996). Nested retrotransposons in the intergenic regions of the maize genome. *Science*, 274(5288), 765-768.

Sarkar, A., Sim, C., Hong, Y. S., Hogan, J. R., Fraser, M. J., Robertson, H. M., et Collins, F. H. (2003). Molecular evolutionary analysis of the widespread piggyBac transposon family and related "domesticated" sequences. *Molecular Genetics and Genomics*, 270(2), 173-180.

Scavariello, C., Luchetti, A., Martoni, F., Bonandin, L., et Mantovani, B. (2017). Hybridogenesis and a potential case of R2 non-LTR retrotransposon horizontal transmission in *Bacillus stick* insects (Insecta Phasmida). *Scientific reports*, 7(1), 1-10.

Scott, J. G., Michel, K., Bartholomay, L. C., Siegfried, B. D., Hunter, W. B., Smagghe, G., ... et Douglas, A. E. (2013). Towards the elements of successful insect RNAi. *Journal of insect physiology*, 59(12), 1212-1221.

Shao, H., et Tu, Z. (2001). Expanding the diversity of the IS630-Tc1-mariner superfamily: discovery of a unique DD37E transposon and reclassification of the DD37D and DD39D transposons. *Genetics*, 159(3), 1103-1115.

Singer, M. F. (1982a). Highly repeated sequences in mammalian genomes. *International review of cytology*, 76, 67-112.

Singer, M. F. (1982b). SINEs and LINEs: highly repeated short and long interspersed sequences in mammalian genomes. *Cell*, 28(3), 433-434.

Sivasupramaniam, S., et Watson, T. F. (2000). Selection for fenpropathrin and fenpropathrinacephate resistance in the silverleaf whitefly (Homoptera: Aleyrodidae). *Journal of economic entomology*, 93(3), 949-954.

Snyder, J. C., Simmons, A. M., et Thacker, R. R. (1998). Attractancy and ovipositional response of adult *Bemisia argentifolii* (Homoptera: Aleyrodidae) to type IV trichome density on leaves of *Lycopersicon hirsutum* grown in three day-length regimes. *Journal of Entomological Science*, 33(3), 270-281.

Stanke, M., et Waack, S. (2003). Gene prediction with a hidden Markov model and a new intron submodel. *Bioinformatics*, 19(suppl_2), ii215-ii225.

Suhag, A., Yadav, H., Chaudhary, D., Subramanian, S., Jaiwal, R., et Jaiwal, P. K. (2021). Biotechnological interventions for the sustainable management of a global pest, whitefly (*Bemisia tabaci*). *Insect science*, 28(5), 1228-1252.

Sun, D. B., Liu, Y. Q., Qin, L., Xu, J., Li, F. F., et Liu, S. S. (2013). Competitive displacement between two invasive whiteflies: insecticide application and host plant effects. *Bulletin of entomological research*, 103(3), 344-353.

~T~

Takahashi, R. (1936). Some Aleyrodidae, Aphididae, Coccidae (Homoptera), and Thysanoptera from Micronesia. *Tenthredo= Acta Entomologica. Takeuchi Entomological Laboratory*, 1, 109-120.

Talla, V., Suh, A., Kalsoom, F., Dincă, V., Vila, R., Friberg, M., ... et Backström, N. (2017). Rapid increase in genome size as a consequence of transposable element hyperactivity in wood-white (*Leptidea*) butterflies. *Genome Biology and Evolution*, 9(10), 2491-2505.

Tchurikov, N. A., et Kretova, O. V. (2011). Both piRNA and siRNA pathways are silencing transcripts of the suffix element in the *Drosophila melanogaster* germline and somatic cells. *PLoS One*, 6(7), e21882.

Thompson, C. B. (1995). New insights into V (D) J recombination and its role in the evolution of the immune system. *Immunity*, 3(5), 531-539.

Thybert, D., Roller, M., Navarro, F. C., Fiddes, I., Streeter, I., Feig, C., ... et Flicek, P. (2018). Repeat associated mechanisms of genome evolution and function revealed by the *Mus caroli* and *Mus pahari* genomes. *Genome research*, 28(4), 448-459.

Tort, O., Tanco, S., Rocha, C., Bièche, I., Seixas, C., Bosc, C., ... et Janke, C. (2014). The cytosolic carboxypeptidases CCP2 and CCP3 catalyze posttranslational removal of acidic amino acids. *Molecular biology of the cell*, 25(19), 3017-3027.

Traboulsi, R. (1994). *Bemisia tabaci*: a report on its pest status with particular reference to the Near East. *FAO Plant Protection Bulletin*, 42(1/2), 33-58.

Tu, Z. (1997). Three novel families of miniature inverted-repeat transposable elements are associated with genes of the yellow fever mosquito, *Aedes aegypti*. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 94(14), 7475-7480.

~V~

Vasconcelos, S. D., Suzuki, D. K., Liberal, C. N., et Iannuzzi, L. (2017). Occurrence of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) and *Aphis gossypii* (Hemiptera: Aphididae) on Okra Plants in a Semi-Arid Region of Brazil, with Notes on their Vertical Distribution and the Impact of Deltamethrin. *Journal of the Kansas Entomological Society*, 90(1), 69-76.

Vaucheret, H., Béclin, C., et Fagard, M. (2001). Post-transcriptional gene silencing in plants. *Journal of cell science*, 114(17), 3083-3091.

~W~

Wallau, G. L., Capy, P., Loreto, E., et Hua-Van, A. (2014). Genomic landscape and evolutionary dynamics of mariner transposable elements within the *Drosophila* genus. *BMC genomics*, 15(1), 1-19.

Walsh, A. M., Kortschak, R. D., Gardner, M. G., Bertozzi, T., et Adelson, D. L. (2013). Widespread horizontal transfer of retrotransposons. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 110(3), 1012-1016.

Wang, T., Lin, J., Chen, Z., Megharaj, M., et Naidu, R. (2014a). Green synthesized iron nanoparticles by green tea and eucalyptus leaves extracts used for removal of nitrate in aqueous solution. *Journal of cleaner production*, 83, 413-419.

Wang, X., Fang, X., Yang, P., Jiang, X., Jiang, F., Zhao, D., ... et Kang, L. (2014b). The locust genome provides insight into swarm formation and long-distance flight. *Nature communications*, 5(1), 1-9.

Wang, X., Xu, J., Wang, X., Qiu, B., Cuthbertson, A. G., Du, C., ... et Ali, S. (2019). *Isaria fumosorosea*-based zero-valent iron nanoparticles affect the growth and survival of sweet potato whitefly, *Bemisia tabaci* (Gennadius). *Pest management science*, 75(8), 2174-2181.

Wessler, S. R., Bureau, T. E., et White, S. E. (1995). LTR-retrotransposons and MITEs: important players in the evolution of plant genomes. *Current opinion in genetics et development*, 5(6), 814-821.

White, K. M., Matthews, M. K., Hughes, R. C., Sommer, A. J., Griffiths, J. S., Newell, P. D., et Chaston, J. M. (2018). A metagenome-wide association study and arrayed mutant library confirm *Acetobacter* lipopolysaccharide genes are necessary for association with *Drosophila melanogaster*. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 8(4), 1119-1127.

Wicker, T., Sabot, F., Hua-Van, A., Bennetzen, J. L., Capy, P., Chalhoub, B., ... et Schulman, A. H. (2007). A unified classification system for eukaryotic transposable elements. *Nature Reviews Genetics*, 8(12), 973-982.

Winston, W. M., Molodowitch, C., et Hunter, C. P. (2002). Systemic RNAi in *C. elegans* requires the putative transmembrane protein SID-1. *Science*, 295(5564), 2456-2459.

Wisler, G. C., Li, R. H., Liu, H. Y., Lowry, D. S., et Duffus, J. E. (1998). Tomato chlorosis virus: a new whitefly-transmitted, phloem-limited, bipartite closterovirus of tomato. *Phytopathology*, 88(5), 402-409.

Witte, C. P., Le, Q. H., Bureau, T., et Kumar, A. (2001). Terminal-repeat retrotransposons in miniature (TRIM) are involved in restructuring plant genomes. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 98(24), 13778-13783.

Woodward, T. E., Evans, J. W., et Eastop, V. F. (1970). Hemiptera [pp. 387–457]. *The Insects of Australia. A Textbook for Students and Research Workers. Commonwealth Scientific and Industrial Research Organization, The Division of Entomology, Melbourne University Press, Carlton, Victoria, Australia.*

Wu, C., et Lu, J. (2019). Diversification of transposable elements in arthropods and its impact on genome evolution. *Genes*, 10(5), 338.

~X~

Xie, L. Q., Wang, P. L., Jiang, S. H., Zhang, Z., et Zhang, H. H. (2018). Genome-wide identification and evolution of TC1/Mariner in the silkworm (*Bombyx mori*) genome. *Genes et genomics*, 40(5), 485-495.

Xu, H. E., Zhang, H. H., Xia, T., Han, M. J., Shen, Y. H., et Zhang, Z. (2013). BmTEdb: a collective database of transposable elements in the silkworm genome. *Database*, 2013.

Xu, Z., et Wang, H. (2007). LTR_FINDER: an efficient tool for the prediction of full-length LTR retrotransposons. *Nucleic acids research*, 35(suppl_2), W265-W268.

~Y~

Yan, S., Ren, B., Zeng, B., et Shen, J. (2020). Improving RNAi efficiency for pest control in crop species. *Biotechniques*, 68(5), 283-290.

Yang, G., Zhang, F., Hancock, C. N., et Wessler, S. R. (2007). Transposition of the rice miniature inverted repeat transposable element mPing in *Arabidopsis thaliana*. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 104(26), 10962-10967.

Yang, L., et Bennetzen, J. L. (2009). Structure-based discovery and description of plant and animal Helitrons. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 106(31), 12832-12837.

Yokomi, R. K., Hoelmer, K. A., et Osborne, L. S. (1990). Relationships between the sweetpotato whitefly and the squash silverleaf disorder. *Phytopathology*, 80(10), 895-900.

Yuan, Y. W., et Wessler, S. R. (2011). The catalytic domain of all eukaryotic cut-and-paste transposase superfamilies. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 108(19), 7884-7889.

Yusa, K. (2015). piggyBac Transposony. *Mobile DNA III*, 873-890.

~Z~

Zaidi, S. S. E. A., Naqvi, R. Z., Asif, M., Strickler, S., Shakir, S., Shafiq, M., ... et Mansoor, S. (2020). Molecular insight into cotton leaf curl geminivirus disease resistance in cultivated cotton (*Gossypium hirsutum*). *Plant biotechnology journal*, 18(3), 691-706.

Zhang, H. H., Xu, H. E., Shen, Y. H., Han, M. J., et Zhang, Z. (2013). The origin and evolution of six miniature inverted-repeat transposable elements in *Bombyx mori* and *Rhodnius prolixus*. *Genome biology and evolution*, 5(11), 2020-2031.

- Zhang, X., Feschotte, C., Zhang, Q., Jiang, N., Eggleston, W. B., et Wessler, S. R. (2001). P instability factor: an active maize transposon system associated with the amplification of Tourist-like MITEs and a new superfamily of transposases. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 98(22), 12572-12577.
- Zhang, Y., Romanish, M. T., et Mager, D. L. (2011). Distributions of transposable elements reveal hazardous zones in mammalian introns. *PLoS computational biology*, 7(5), e1002046.
- Zheng, H., Xie, W., Chen, W., Wosula, E. N., Hasegawa, D. K., Casinga, C., Shirima, R. R., Fiaboe, K. K., ... et Fei, Z. (2019). Genome of the African cassava whitefly *Bemisia tabaci* and distribution and genetic diversity of cassava-colonizing whiteflies in Africa. *Insect biochemistry and molecular biology*, 110, 112-120.
- Zheng, H., Xie, W., Wang, S., Wu, Q., Zhou, X., et Zhang, Y. (2017). Dynamic monitoring (B versus Q) and further resistance status of Q-type *Bemisia tabaci* in China. *Crop Protection*, 94, 115-122.
- Zuker, C., et Lodish, H. F. (1981). Repetitive DNA sequences cotranscribed with developmentally regulated *Dictyostelium discoideum* mRNAs. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 78(9), 5386-5390.

Annexes

Tableau S1 Caractéristiques des TEs identifiés et annotés dans le génome de *B.tabaci*.

ETs	Taille	classe	order	sFamille	copies	FLC
Btab-B-R723-Map3	1583	I	LTR	Be:l-Pao	15	2
Btab-B-G3473-Map5	689	I	LINE	Jockey	33	2
Btab-B-R1082-Map5	1534	I	PLE	Penelope	109	1
Btab-B-R15201-Map16	6164	I	LINE	I	92	3
Btab-B-G7302-Map3	2273	I	TRIM	TRIM	7	1
Btab-B-R15460-Map3	1297	I	LINE	Jockey	16	1
Btab-B-R6899-Map8	2671	I	LINE	R1	59	6
Btab-B-G3317-Map3	803	I	LINE	NA	161	1
Btab-B-R9322-Map3	565	I	LINE	Jockey	5	1
Btab-B-R12710-Map7_reversed	1697	I	PLE	Penelope	234	2
Btab-B-G13760-Map8	558	I	TRIM	TRIM	4	1
Btab-B-G11157-Map7	422	I	SINE	NA	39	1
Btab-B-R4299-Map10	1268	I	TRIM	TRIM	145	8
Btab-B-R2160-Map12_reversed	5621	I	LINE	I	74	3
Btab-B-R1179-Map3	741	I	LINE	Jockey	19	2
Btab-B-R12983-Map4	964	I	LTR	Copia	7	1
Btab-B-R19770-Map3	734	I	TRIM	TRIM	107	2
Btab-B-R15586-Map12_reversed	5413	I	LTR	Gypsy	50	5
Btab-B-G5895-Map3_reversed	919	I	LINE	R1	17	6
Btab-B-R7348-Map4	2276	I	LINE	NA	9	1
Btab-B-R16730-Map4_reversed	2333	I	LINE	R1	71	2
Btab-B-R10355-Map4_reversed	920	I	LINE	I	23	2
Btab-B-R7189-Map10	959	I	LTR	Gypsy	509	1
Btab-B-G9323-Map13	1358	I	TRIM	TRIM	14	1
Btab-B-R5410-Map6	1066	I	PLE	Penelope	117	1
Btab-B-R19912-Map3	686	I	SINE	NA	63	2
Btab-B-G4315-Map7	690	I	SINE	NA	9	6
Btab-B-R19732-Map3	2177	I	LINE	RTE	445	3
Btab-B-R7069-Map11_reversed	3922	I	LTR	Be:l-Pao	38	2
Btab-B-G9584-Map3	4046	I	LINE	R2	105	5

Btab-B-R14168-Map3	1512	I	LINE	Jockey	9	2
Btab-B-R12966-Map4_reversed	1552	I	LTR	Be:l-Pao	13	2
Btab-B-R5322-Map7	5234	I	LINE	Jockey	86	2
Btab-B-R2169-Map6	1960	I	LINE	L1	170	2
Btab-B-G1446-Map15	627	I	LINE	I	221	2
Btab-B-R3556-Map9	1190	I	LINE	Jockey	18	2
Btab-B-R14509-Map5_reversed	2721	I	LINE	R1	17	3
Btab-B-G3732-Map16	690	I	SINE	NA	21	2
Btab-B-R16306-Map3	1662	I	LTR	Gypsy	1568	2
Btab-B-R4854-Map9_reversed	2514	I	LTR	Gypsy	15	1
Btab-B-R15017-Map12	1682	I	PLE	Penelope	58	2
Btab-B-R10081-Map7	2342	I	LTR	Copia	33	2
Btab-B-G10636-Map4	457	I	LTR	Be:l-Pao	5	3
Btab-B-R6977-Map15	2303	I	LINE	Jockey	54	2
Btab-B-G11160-Map20	390	I	SINE	NA	17	4
Btab-B-G1021-Map3	632	I	TRIM	TRIM	6	1
Btab-B-R5509-Map12	4641	I	LTR	Be:l-Pao	30	2
Btab-B-R703-Map5	1236	I	LINE	R1	36	1
Btab-B-G9471-Map3	3179	I	LINE	RTE	411	3
Btab-B-G8951-Map9	2410	I	TRIM	TRIM	162	3
Btab-B-G3733-Map20	765	I	LINE	RTE	13	1
Btab-B-G2052-Map6	626	I	TRIM	TRIM	16	4
Btab-B-R10077-Map3_reversed	1657	I	LTR	Gypsy	18	2
Btab-B-G9824-Map11	9352	I	TRIM	TRIM	46	2
Btab-B-R12736-Map4	2479	I	LTR	Gypsy	27	1
Btab-B-R16506-Map3	1629	I	LINE	RTE	1997	2
Btab-B-G7398-Map3_reversed	1338	I	PLE	Penelope	206	1
Btab-B-G3525-Map3	828	I	TRIM	TRIM	7	2
Btab-B-R3374-Map3	435	I	SINE	NA	93	2
Btab-B-R1159-Map13	6261	I	LINE	RTE	133	2
Btab-B-G6183-Map5	946	I	PLE	Penelope	33	1
Btab-B-G9168-Map20	2257	I	LINE	NA	105	17
Btab-B-G12652-Map3	476	I	SINE	NA	19	2

Btab-B-R5048-Map12	5257	I	LINE	Jockey	73	3
Btab-B-R7738-Map20	5023	I	LTR	Gypsy	76	2
Btab-B-R4447-Map9	3090	I	LINE	Jockey	52	2
Btab-B-R12552-Map7	841	I	LINE	Waldo	27	1
Btab-B-G172-Map3	3960	I	TRIM	TRIM	41	3
Btab-B-R8309-Map3	1173	I	LTR	Copia	15	2
Btab-B-R21085-Map3	1379	I	LTR	Gypsy	46	2
Btab-B-R1321-Map3_reversed	3386	I	LINE	Hope	24	3
Btab-B-R13137-Map4	4068	I	LINE	Jockey	442	2
Btab-B-R989-Map20	5149	I	LINE	Jockey	138	1
Btab-B-G12204-Map3	535	I	TRIM	TRIM	15	2
Btab-B-R8379-Map3	566	I	SINE	NA	147	2
Btab-B-G11882-Map3	533	I	LTR	Be:l-Pao	5	1
Btab-B-G3905-Map5	749	I	TRIM	TRIM	21	1
Btab-B-R10357-Map8	1082	I	LINE	Jockey	32	3
Btab-B-R9312-Map3	2453	I	LINE	NA	468	2
Btab-B-R15008-Map3	1334	I	Unclassified	NA	16	1
Btab-B-R3615-Map5	1090	I	LINE	Jockey	62	1
Btab-B-R7360-Map5	2810	I	Unclassified	NA	72	2
Btab-B-G9723-Map4	5289	I	LTR	Gypsy	38	2
Btab-B-G10467-Map4	388	I	SINE	NA	39	2
Btab-B-R15887-Map3	932	I	LINE	RTE	179	1
Btab-B-R9988-Map3	1059	I	LINE	Jockey	16	2
Btab-B-R6403-Map3	2770	I	LTR	Copia	9	2
Btab-B-G1728-Map20	1146	I	LINE	RTE	513	1
Btab-B-R20532-Map3	1064	I	LINE	Jockey	11	0
Btab-B-R5320-Map3	5193	I	LTR	Copia	16	2
Btab-B-R13362-Map7_reversed	4436	I	LTR	Copia	39	1
Btab-B-R3042-Map20_reversed	5501	I	LTR	Be:l-Pao	93	0
Btab-B-R3613-Map19_reversed	5813	I	LTR	Gypsy	65	3
Btab-B-R8679-Map20_reversed	5352	I	LTR	Gypsy	69	4
Btab-B-G5778-Map11	1194	I	TRIM	TRIM	3	1
Btab-B-R19509-Map3_reversed	1142	I	LTR	Be:l-Pao	17	2

Btab-B-G7157-Map5	1046	I	TRIM	TRIM	30	2
Btab-B-R15867-Map11	3167	I	LTR	Copia	112	4
Btab-B-G4012-Map20	1196	I	LINE	NA	70	1
Btab-B-R6285-Map3	690	I	TRIM	TRIM	5	1
Btab-B-R15787-Map3	1334	I	LINE	NA	27	2
Btab-B-R6166-Map5	997	I	LTR	Be:l-Pao	10	2
Btab-B-R1271-Map20	1242	I	TRIM	TRIM	47	1
Btab-B-R19108-Map3	1019	I	LTR	Be:l-Pao	4	1
Btab-B-G6945-Map14	2064	I	TRIM	TRIM	128	1
Btab-B-G9637-Map3_reversed	4712	I	LINE	I	21	3
Btab-B-R846-Map4	1008	I	LTR	Gypsy	20	2
Btab-B-R9542-Map3	782	I	TRIM	TRIM	65	1
Btab-B-G8343-Map4	1797	I	TRIM	TRIM	43	1
Btab-B-G2743-Map3	622	I	LTR	Gypsy	1	1
Btab-B-G8725-Map3	2807	I	TRIM	TRIM	127	2
Btab-B-R12946-Map9_reversed	2944	I	LTR	Gypsy	31	2
Btab-B-G13071-Map3	527	I	TRIM	TRIM	13	2
Btab-B-G3400-Map3	676	I	TRIM	TRIM	1249	3
Btab-B-G485-Map20	7284	I	LTR	Gypsy	22	3
Btab-B-G9105-Map4	2510	I	LTR	Copia	24	2
Btab-B-G10761-Map3	419	I	TRIM	TRIM	43	4
Btab-B-R16577-Map3_reversed	1129	I	LINE	I	11	5
Btab-B-R4414-Map10	9248	I	LTR	Gypsy	62	2
Btab-B-R1555-Map4	1624	I	TRIM	TRIM	19	2
Btab-B-R11678-Map3	445	I	TRIM	TRIM	5	2
Btab-B-R18437-Map6	1031	I	TRIM	TRIM	14	2
Btab-B-R1169-Map4_reversed	12108	I	LTR	Gypsy	30	2
Btab-B-R395-Map3	1351	I	LTR	Be:l-Pao	13	2
Btab-B-R17975-Map3_reversed	1623	I	LINE	Jockey	9	5
Btab-B-R16083-Map5	904	I	LTR	Gypsy	4	1
Btab-B-G12923-Map3	516	I	TRIM	TRIM	7	0
Btab-B-R10068-Map4	2030	I	LTR	Be:l-Pao	24	1
Btab-B-R23704-Map4	729	I	LTR	Gypsy	4	2

Btab-B-R3121-Map5	3719	I	LINE	Jockey	93	3
Btab-B-G11463-Map7	434	I	SINE	NA	8	2
Btab-B-G10235-Map5	345	I	SINE	NA	25	2
Btab-B-R18273-Map3	1390	I	TRIM	TRIM	25	2
Btab-B-R12096-Map4_reversed	1472	I	PLE	Penelope	161	2
Btab-B-G5257-Map3	1161	I	TRIM	TRIM	45	1
Btab-B-G8662-Map10	1782	I	TRIM	TRIM	9	1
Btab-B-R10331-Map3	1578	I	LTR	Copia	14	1
Btab-B-R1489-Map4	1697	I	LTR	Be:l-Pao	18	1
Btab-B-R8761-Map4_reversed	2353	I	LINE	Jockey	67	1
Btab-B-R9337-Map4	1249	I	LTR	Gypsy	14	1
Btab-B-R4453-Map6	564	I	SINE	NA	48	3
Btab-B-G13177-Map3	513	I	SINE	NA	16	2
Btab-B-R7086-Map9_reversed	1328	I	PLE	Penelope	168	4
Btab-B-R15635-Map4_reversed	4379	I	LINE	R1	6	1
Btab-B-R4115-Map12_reversed	6743	I	LTR	Gypsy	40	2
Btab-B-G9466-Map8	3062	I	LINE	RTE	180	8
Btab-B-G1563-Map3	691	I	TRIM	TRIM	58	2
Btab-B-R6256-Map3	1235	I	LTR	Copia	11	2
Btab-B-G6235-Map11	1018	I	LINE	Jockey	122	1
Btab-B-R2512-Map9_reversed	3281	I	LTR	Be:l-Pao	24	1
Btab-B-R23041-Map3	106	I	SINE	NA	20	2
Btab-B-G4459-Map5	952	I	TRIM	TRIM	3	1
Btab-B-R8305-Map20	6775	I	LARD	NA	95	5
Btab-B-R20618-Map3_reversed	1302	I	LTR	Gypsy	7	2
Btab-B-R19244-Map3	2453	I	LTR	Be:l-Pao	8	2
Btab-B-G2259-Map8	627	I	PLE	Penelope	202	2
Btab-B-G4335-Map4	712	I	LINE	NA	58	1
Btab-B-G1931-Map4	603	I	TRIM	TRIM	9	4
Btab-B-G10161-Map3	363	I	SINE	NA	61	1
Btab-B-R2197-Map6	4339	I	LINE	NA	1162	2
Btab-B-G10069-Map3	486	I	PLE	Penelope	9	4
Btab-B-R11471-Map6	2334	I	LINE	RTE	31	1

Btab-B-R14619-Map5	2180	I	LINE	NA	61	1
Btab-B-R19133-Map4	1543	I	LTR	Be:l-Pao	4	3
Btab-B-G1119-Map4	580	I	TRIM	TRIM	6	1
Btab-B-R5820-Map15_reversed	3690	I	LTR	Be:l-Pao	21	1
Btab-B-G5986-Map10	1060	I	LINE	R2	14	1
Btab-B-G9797-Map7	3863	I	TRIM	TRIM	95	2
Btab-B-R13066-Map7_reversed	11501	I	LTR	Copia	2289	1
Btab-B-R16928-Map3	1060	I	LTR	Be:l-Pao	8	2
Btab-B-R1620-Map18_reversed	3205	I	LINE	RTE	79	1
Btab-B-G7533-Map3	1601	I	TRIM	TRIM	26	1
Btab-B-R16777-Map6_reversed	3518	I	LTR	Gypsy	21	2
Btab-B-R746-Map3	369	I	SINE	NA	18	1
Btab-B-R16391-Map3	904	I	LINE	SART	96	1
Btab-B-G7046-Map8	1733	I	TRIM	TRIM	37	2
Btab-B-R2528-Map15_reversed	2374	I	PLE	Penelope	1221	2
Btab-B-R19518-Map3	1100	I	LTR	Gypsy	13	2
Btab-B-R10245-Map3	3218	I	LTR	Gypsy	20	1
Btab-B-R7034-Map7	371	I	SINE	NA	47	2
Btab-B-R4864-Map3	2975	I	LTR	Gypsy	15	2
Btab-B-R7076-Map6	1501	I	TRIM	TRIM	214	2
Btab-B-R12123-Map3	763	I	TRIM	TRIM	18	1
Btab-B-R14635-Map6	5562	I	LTR	Be:l-Pao	20	1
Btab-B-R6307-Map3_reversed	2900	I	LINE	Jockey	36	1
Btab-B-R6520-Map10_reversed	4310	I	LTR	Copia	34	2
Btab-B-R6606-Map3	771	I	TRIM	TRIM	7	1
Btab-B-G71-Map20	2412	I	LINE	NA	160	17
Btab-B-R407-Map20_reversed	4963	I	LTR	Gypsy	55	3
Btab-B-R5323-Map3	763	I	LINE	Jockey	32	2
Btab-B-G7592-Map4	1680	I	LINE	NA	83	3
Btab-B-G9714-Map4	5005	I	LTR	Gypsy	26	4
Btab-B-R7259-Map9	2521	I	LINE	Jockey	73	2
Btab-B-R5985-Map20	5159	I	TRIM	TRIM	75	4
Btab-B-G9430-Map20_reversed	3257	I	LINE	RTE	685	40

Btab-B-R9865-Map5_reversed	4045	I	LTR	Gypsy	17	1
Btab-B-R5319-Map9	2706	I	LINE	I	63	1
Btab-B-R18986-Map3	816	I	TRIM	TRIM	8	1
Btab-B-G8733-Map3	3322	I	LINE	R2	45	1
Btab-B-G6625-Map3	1065	I	LTR	Be:l-Pao	12	1
Btab-B-G989-Map3	643	I	TRIM	TRIM	111	1
Btab-B-R6192-Map4	3062	I	LTR	Be:l-Pao	16	2
Btab-B-R17325-Map6_reversed	4107	I	LTR	Copia	27	2
Btab-B-G12015-Map5	515	I	TRIM	TRIM	1	1
Btab-B-R20970-Map4	3021	I	LINE	NA	404	1
Btab-B-R2785-Map3	930	I	TRIM	TRIM	24	1
Btab-B-R17023-Map3	1149	I	LTR	Gypsy	12	1
Btab-B-R5082-Map4_reversed	2280	I	LTR	Copia	10	2
Btab-B-G13815-Map3	545	I	LINE	Jockey	2	1
Btab-B-R16697-Map3	898	I	TRIM	TRIM	39	2
Btab-B-G4365-Map3	843	I	LINE	Nimb	40	1
Btab-B-R23489-Map3	85	I	SINE	NA	13	3
Btab-B-R19993-Map3	837	I	LINE	Jockey	51	1
Btab-B-R15590-Map3	880	I	LINE	RTE	413	2
Btab-B-R10394-Map3	1301	I	LTR	Copia	9	1
Btab-B-G1285-Map3	626	I	SINE	NA	530	24
Btab-B-G983-Map20	1165	I	LINE	NA	18	4
Btab-B-R12942-Map11_reversed	5891	I	LTR	Copia	69	1
Btab-B-R7743-Map8	3500	I	LTR	Copia	20	2
Btab-B-G9666-Map3_reversed	4659	I	LINE	Jockey	19	2
Btab-B-G7383-Map3	1250	I	LINE	RTE	25	1
Btab-B-R4813-Map7	5476	I	LTR	Copia	44	2
Btab-B-R4680-Map3_reversed	1945	I	LTR	Gypsy	15	2
Btab-B-R14564-Map13_reversed	6309	I	LTR	Gypsy	61	2
Btab-B-R7617-Map4_reversed	1087	I	LTR	Copia	22	2
Btab-B-R16755-Map3	1190	I	LTR	Be:l-Pao	12	1
Btab-B-R7715-Map20	5029	I	LTR	Copia	44	3
Btab-B-G7027-Map5	1296	I	LINE	NA	471	5

Btab-B-R3527-Map3	1146	I	LINE	Jockey	58	2
Btab-B-G4271-Map20	1331	I	LINE	NA	126	1
Btab-B-G8427-Map5	1743	I	LINE	NA	500	1
Btab-B-R11677-Map3_reversed	2104	I	LINE	R1	9	2
Btab-B-R2176-Map9	1261	I	LINE	SART	46	2
Btab-B-R11819-Map8_reversed	3211	I	LINE	R1	76	2
Btab-B-G5070-Map7	844	I	LINE	I	60	1
Btab-B-G9221-Map3	1615	I	TRIM	TRIM	9	1
Btab-B-R8902-Map6	1167	I	LINE	R1	36	1
Btab-B-R15538-Map3	371	I	LTR	Copia	6	1
Btab-B-R8225-Map6	631	I	TRIM	TRIM	136	5
Btab-B-R12643-Map4_reversed	1708	I	LINE	SART	12	1
Btab-B-R1715-Map3	899	I	TRIM	TRIM	33	2
Btab-B-G301-Map3	4403	I	TRIM	TRIM	25	3
Btab-B-G8113-Map20	1848	I	LINE	RTE	811	1
Btab-B-R1541-Map15	8497	I	LINE	NA	226	2
Btab-B-G9503-Map3	2263	I	TRIM	TRIM	44	1
Btab-B-R3000-Map10_reversed	2216	I	LTR	Copia	81	1
Btab-B-G2344-Map5	658	I	SINE	NA	552	1
Btab-B-R9352-Map8	4929	I	LTR	Copia	24	4
Btab-B-R6188-Map10	3291	I	LINE	Jockey	40	1
Btab-B-R17712-Map5	1217	I	LTR	Be:l-Pao	8	1
Btab-B-R6487-Map3	1011	I	LINE	NA	44	1
Btab-B-G4716-Map3	755	I	LINE	I	4	1
Btab-B-R4215-Map15	2469	I	LARD	NA	42	1
Btab-B-R3587-Map3	1659	I	LINE	R1	19	2
Btab-B-R16711-Map3	2158	I	LTR	Be:l-Pao	9	2
Btab-B-R14369-Map4	2992	I	LTR	Copia	14	1
Btab-B-R5465-Map4	2361	I	LTR	Gypsy	8	2
Btab-B-R15135-Map9_reversed	5391	I	LTR	Gypsy	60	2
Btab-B-R10082-Map7_reversed	1902	I	LTR	Copia	10	2
Btab-B-R20539-Map3	783	I	LTR	Be:l-Pao	6	2
Btab-B-G8608-Map3_reversed	1852	I	LINE	SART	65	4

Btab-B-G9037-Map3	2263	I	LINE	RTE	138	1
Btab-B-R4526-Map5	1430	I	TRIM	TRIM	68	2
Btab-B-R16228-Map4	1999	I	LTR	Be:l-Pao	31	2
Btab-B-R9757-Map3_reversed	1365	I	LTR	Be:l-Pao	18	2
Btab-B-G1759-Map7	623	I	TRIM	TRIM	2	1
Btab-B-R4972-Map9_reversed	1651	I	PLE	Penelope	55	2
Btab-B-G8336-Map10	2457	I	LINE	NA	383	1
Btab-B-R678-Map14_reversed	2396	I	PLE	Penelope	224	1
Btab-B-R20700-Map3	879	I	LINE	NA	245	2
Btab-B-R2123-Map7	1214	I	LINE	Jockey	17	3
Btab-B-R13401-Map7	2229	I	LTR	Copia	122	3
Btab-B-R1110-Map5	3800	I	LTR	Be:l-Pao	22	1
Btab-B-R1517-Map3	710	I	LINE	SART	12	1
Btab-B-R3903-Map3	558	I	LTR	Copia	11	1
Btab-B-R5079-Map14	3711	I	LARD	NA	31	1
Btab-B-R498-Map20_reversed	3377	I	LINE	Jockey	52	1
Btab-B-R11440-Map5	1838	I	LINE	Jockey	26	3
Btab-B-G9639-Map3_reversed	4455	I	LTR	Copia	34	3
Btab-B-R10697-Map3	3189	I	LINE	NA	600	2
Btab-B-G9027-Map4	2938	I	TRIM	TRIM	14	2
Btab-B-R15558-Map3_reversed	1367	I	LINE	Jockey	9	2
Btab-B-R1717-Map6_reversed	1742	I	LINE	R1	95	1
Btab-B-G3506-Map4	783	I	TRIM	TRIM	5	1
Btab-B-R5826-Map4_reversed	1083	I	LINE	SART	5	1
Btab-B-R2268-Map7	1466	I	LINE	SART	85	1
Btab-B-G8403-Map9	1906	I	LINE	RTE	145	1
Btab-B-G3757-Map3	779	I	LINE	NA	14	1
Btab-B-G6470-Map3	935	I	TRIM	TRIM	218	1
Btab-B-R18224-Map14_reversed	2409	I	LTR	Be:l-Pao	25	1
Btab-B-G9096-Map3	2294	I	LINE	Jockey	30	3
Btab-B-R589-Map4	978	I	TRIM	TRIM	150	3
Btab-B-R12923-Map6	1244	I	LINE	Jockey	18	2
Btab-B-R16084-Map5	712	I	LTR	Gypsy	2	1

Btab-B-G1042-Map3	568	I	SINE	NA	47	1
Btab-B-R941-Map20_reversed	4707	I	LINE	I	159	2
Btab-B-G9513-Map20	3252	I	LINE	RTE	79	1
Btab-B-R18171-Map8	720	I	TRIM	TRIM	15	2
Btab-B-R15322-Map4_reversed	1002	I	LTR	Copia	14	3
Btab-B-G13813-Map6	550	I	LTR	Gypsy	14	4
Btab-B-R5788-Map4	2380	I	LTR	Be:1-Pao	10	2
Btab-B-R9523-Map3	788	I	LTR	Gypsy	4	2
Btab-B-R3187-Map3_reversed	1104	I	LINE	R1	8	2
Btab-B-R6205-Map7	1145	I	TRIM	TRIM	44	1
Btab-B-R3941-Map3	520	I	LINE	Jockey	6	1
Btab-B-R19914-Map3	1013	I	LTR	Gypsy	19	1
Btab-B-R15278-Map5	1738	I	TRIM	TRIM	35	1
Btab-B-R4493-Map11	931	I	TRIM	TRIM	21	2
Btab-B-R12575-Map6	2633	I	LTR	Gypsy	22	1
Btab-B-G16-Map20	2202	I	LINE	NA	196	2
Btab-B-R19794-Map3	2447	I	SINE	5S	260	2
Btab-B-R7436-Map20	4200	I	LINE	R2	167	4
Btab-B-R15848-Map4_reversed	2029	I	LINE	Loa	6	2
Btab-B-R6272-Map4	1279	I	TRIM	TRIM	1025	1
Btab-B-R2491-Map20_reversed	5563	I	LINE	Nimb	104	1
Btab-B-R1596-Map6	1812	I	LINE	NA	22	2
Btab-B-R11439-Map7	552	I	LINE	Jockey	33	2
Btab-B-R9852-Map4	2200	I	LINE	Jockey	131	3
Btab-B-G9500-Map12	3316	I	LINE	RTE	880	5
Btab-B-R7251-Map3_reversed	982	I	LTR	Gypsy	14	2
Btab-B-R5062-Map3	735	I	LINE	RTE	12	2
Btab-B-R13152-Map4	934	I	LINE	NA	48	2
Btab-B-R12900-Map5_reversed	4584	I	LINE	Jockey	24	1
Btab-B-R9513-Map3	1041	I	LINE	R1	30	1
Btab-B-G7781-Map15	1612	I	LINE	NA	123	1
Btab-B-R23780-Map3	477	I	SINE	NA	28	1
Btab-B-R3370-Map18	4888	I	LTR	Gypsy	37	3

Btab-B-G10651-Map4	386	I	SINE	NA	46	2
Btab-B-G1515-Map14	675	I	TRIM	TRIM	70	3
Btab-B-R10175-Map11	2237	I	LINE	NA	59	2
Btab-B-R12737-Map7_reversed	6088	I	LTR	Gypsy	26	2
Btab-B-R18376-Map6	1363	I	LINE	R1	26	3
Btab-B-R12940-Map16	6947	I	LTR	Gypsy	51	3
Btab-B-G12782-Map19	497	I	Unclassified	NA	17	2
Btab-B-G9713-Map4_reversed	5400	I	LINE	Jockey	83	3
Btab-B-G6434-Map3	661	I	TRIM	TRIM	3	2
Btab-B-R4271-Map20_reversed	4910	I	LINE	RTE	39	3
Btab-B-R8070-Map6	1605	I	LTR	Copia	13	1
Btab-B-R1231-Map16	5171	I	LINE	Jockey	47	1
Btab-B-R12699-Map5	3144	I	LTR	Copia	15	1
Btab-B-G12276-Map9	524	I	SINE	NA	4	1
Btab-B-G13633-Map14	596	I	TRIM	TRIM	32	3
Btab-B-R849-Map20	4724	I	TRIM	TRIM	38	1
Btab-B-R5022-Map20_reversed	6264	I	LTR	Be:l-Pao	51	2
Btab-B-G3814-Map18	740	I	LINE	R1	69	1
Btab-B-R8331-Map10	2036	I	LINE	Nimb	134	3
Btab-B-R845-Map4	4552	I	LTR	Gypsy	17	2
Btab-B-R1650-Map3_reversed	1647	I	SINE	5S	125	1
Btab-B-G11508-Map3	375	I	SINE	NA	42	3
Btab-B-R12619-Map4	3694	I	LINE	NA	87	3
Btab-B-R2061-Map8	4111	I	LINE	Vingi	54	1
Btab-B-R1084-Map3	806	I	LINE	R1	38	1
Btab-B-R2718-Map11_reversed	4271	I	LINE	Jockey	68	3
Btab-B-G7542-Map4	1718	I	TRIM	TRIM	516	8
Btab-B-R9361-Map3	634	I	LTR	Gypsy	4	1
Btab-B-G9784-Map13	4388	I	TRIM	TRIM	466	1
Btab-B-G8156-Map4	1823	I	LINE	NA	698	1
Btab-B-G7761-Map10	1587	I	TRIM	TRIM	6	1
Btab-B-R1662-Map13	791	I	TRIM	TRIM	30	1
Btab-B-R4474-Map20_reversed	4525	I	LINE	R1	174	2

Btab-B-R12883-Map5	1421	I	LINE	Jockey	8	2
Btab-B-R16598-Map5_reversed	1309	I	LTR	Be:l-Pao	8	1
Btab-B-R10902-Map6	3510	I	LTR	Gypsy	15	1
Btab-B-R18421-Map3	1437	I	LINE	NA	153	1
Btab-B-R1045-Map13_reversed	1806	I	PLE	Penelope	339	2
Btab-B-R655-Map20_reversed	4754	I	LTR	Copia	43	1
Btab-B-R15818-Map7_reversed	7672	I	LTR	Be:l-Pao	90	2
Btab-B-G12412-Map6	447	I	SINE	NA	9	2
Btab-B-G7610-Map3	958	I	TRIM	TRIM	4	1
Btab-B-R6173-Map8	4011	I	LTR	Be:l-Pao	22	1
Btab-B-G5280-Map16	1264	I	LINE	NA	69	4
Btab-B-G12691-Map3	469	I	SINE	NA	11	3
Btab-B-G5418-Map4	792	I	LINE	NA	408	4
Btab-B-R15548-Map6_reversed	4714	I	LTR	Gypsy	30	2
Btab-B-R1501-Map3	1383	I	LINE	Jockey	37	2
Btab-B-R16452-Map3	1651	I	LINE	Jockey	12	2
Btab-B-R12740-Map3_reversed	2576	I	LINE	RTE	229	1
Btab-B-G8672-Map5	2332	I	LINE	NA	1167	1
Btab-B-R3150-Map5	5076	I	LTR	Gypsy	26	1
Btab-B-G7578-Map3	1653	I	TRIM	TRIM	4	1
Btab-B-R7711-Map18	3484	I	LINE	RTE	288	1
Btab-B-R6113-Map18	2159	I	LINE	Jockey	70	3
Btab-B-G12120-Map3	466	I	SINE	NA	112	11
Btab-B-G3386-Map20	778	I	LINE	NA	122	20
Btab-B-G5244-Map20	1546	I	TRIM	TRIM	255	6
Btab-B-R6467-Map6	3161	I	LARD	NA	189	3
Btab-B-G6381-Map20	1237	I	LINE	NA	81	5
Btab-B-R1643-Map3	2683	I	LINE	Jockey	23	2
Btab-B-G7867-Map9	2154	I	LINE	NA	1441	1
Btab-B-G10724-Map4	390	I	SINE	NA	51	2
Btab-B-G5821-Map5	677	I	TRIM	TRIM	5	1
Btab-B-R10729-Map7	1366	I	LTR	Copia	19	2
Btab-B-R7375-Map9	2905	I	LTR	Copia	14	2

Btab-B-R4148-Map3_reversed	1131	I	LINE	Jockey	25	4
Btab-B-G8991-Map3	2571	I	LTR	Gypsy	12	1
Btab-B-R18340-Map3_reversed	1198	I	LTR	Copia	2	1
Btab-B-G5222-Map6	836	I	LINE	NA	6	3
Btab-B-R1017-Map4	1824	I	LTR	Copia	24	2
Btab-B-R19469-Map3	875	I	LTR	Be:l-Pao	8	2
Btab-B-G13459-Map5	544	I	SINE	NA	26	1
Btab-B-G9610-Map9	3868	I	LINE	Nimb	173	2
Btab-B-G11395-Map3	435	I	SINE	NA	57	6
Btab-B-R10121-Map5	849	I	LINE	Jockey	23	5
Btab-B-R4863-Map3	1509	I	LTR	Be:l-Pao	23	2
Btab-B-R5810-Map4	744	I	LINE	Jockey	43	3
Btab-B-R17539-Map3_reversed	1135	I	LINE	Jockey	4	2
Btab-B-R11749-Map4	958	I	LINE	Jockey	58	3
Btab-B-G11342-Map6	374	I	SINE	NA	13	1
Btab-B-G1392-Map4	664	I	TRIM	TRIM	64	2
Btab-B-R1371-Map20	1217	I	LINE	NA	33	7
Btab-B-R8596-Map5_reversed	3198	I	LTR	Be:l-Pao	41	2
Btab-B-R16785-Map4	1126	I	LINE	NA	88	2
Btab-B-R10284-Map12	1578	I	LINE	NA	105	2
Btab-B-G2617-Map4	884	I	TRIM	TRIM	123	23
Btab-B-R17401-Map5	2111	I	LINE	Jockey	14	1
Btab-B-R8395-Map3	2232	I	LINE	R1	9	2
Btab-B-G9760-Map3	5616	I	LINE	Jockey	74	2
Btab-B-R6927-Map5	2193	I	TRIM	TRIM	9	1
Btab-B-G11251-Map6	558	I	TRIM	TRIM	1220	39
Btab-B-G10577-Map3	351	I	LTR	Copia	1	1
Btab-B-R3919-Map6	2152	I	LINE	Jockey	42	1
Btab-B-R13097-Map3	1114	I	LINE	Jockey	17	2
Btab-B-R1065-Map20	2155	I	PLE	Penelope	371	2
Btab-B-G9524-Map20	3259	I	LINE	RTE	689	37
Btab-B-R11284-Map9	3625	I	LINE	Jockey	111	4
Btab-B-R1590-Map11	3248	I	TRIM	TRIM	27	1

Btab-B-R4886-Map4	3129	I	LINE	NA	25	1
Btab-B-R14665-Map5	1027	I	LINE	SART	46	3
Btab-B-R5973-Map4	1155	I	LTR	Gypsy	7	2
Btab-B-G4249-Map5	772	I	LINE	Jockey	31	1
Btab-B-R1391-Map3	4156	I	LTR	Gypsy	23	4
Btab-B-R6018-Map14	12168	I	PLE	Penelope	2074	1
Btab-B-R7013-Map10_reversed	1626	I	LINE	Jockey	25	4
Btab-B-R2439-Map20	2214	I	TRIM	TRIM	43	2
Btab-B-G9746-Map3	5185	I	LINE	Jockey	48	4
Btab-B-G7586-Map7	1429	I	LINE	NA	8	1
Btab-B-R13595-Map9	1373	I	LINE	NA	15	2
Btab-B-R14770-Map3	618	I	LTR	Be:l-Pao	13	2
Btab-B-R14551-Map5	635	I	TRIM	TRIM	21	3
Btab-B-R11898-Map4	2049	I	LINE	RTE	516	1
Btab-B-R15926-Map3	4312	I	LTR	Be:l-Pao	60	2
Btab-B-R4873-Map3_reversed	905	I	LTR	Be:l-Pao	5	2
Btab-B-R8296-Map5	1514	I	LTR	Be:l-Pao	26	2
Btab-B-R2666-Map6	956	I	LTR	Copia	13	2
Btab-B-R12729-Map3_reversed	1384	I	LTR	Copia	13	1
Btab-B-R2253-Map13_reversed	3916	I	LTR	Be:l-Pao	41	1
Btab-B-R781-Map3	485	I	SINE	NA	25	1
Btab-B-G13121-Map5	549	I	TRIM	TRIM	1	1
Btab-B-G11300-Map10	436	I	SINE	NA	178	1
Btab-B-R2492-Map11_reversed	4101	I	LTR	Be:l-Pao	46	1
Btab-B-G2519-Map3	796	I	TRIM	TRIM	41	0
Btab-B-R6226-Map10	4504	I	LINE	SART	62	2
Btab-B-R5457-Map20_reversed	4479	I	LINE	R2	95	1
Btab-B-R6906-Map13	2384	I	LINE	Loa	38	2
Btab-B-R16908-Map3	1171	I	LTR	Be:l-Pao	7	2
Btab-B-G3615-Map3	846	I	TRIM	TRIM	33	2
Btab-B-R3659-Map8	3666	I	LINE	SART	63	2
Btab-B-G7878-Map3	1630	I	LINE	RTE	408	3
Btab-B-R6073-Map4	977	I	LINE	R1	26	3

Btab-B-R18267-Map3	2526	I	LINE	Jockey	12	2
Btab-B-G8253-Map3	1724	I	LINE	NA	64	1
Btab-B-G9357-Map3_reversed	2894	I	LINE	R2	122	1
Btab-B-R14894-Map6_reversed	2428	I	LTR	Copia	19	1
Btab-B-R6983-Map8	5607	I	LTR	Gypsy	30	1
Btab-B-R2495-Map4	781	I	PLE	Penelope	54	2
Btab-B-G9422-Map3	3441	I	LTR	Gypsy	17	2
Btab-B-G1012-Map4	619	I	TRIM	TRIM	21	2
Btab-B-R1566-Map20_reversed	2248	I	LINE	RTE	557	1
Btab-B-R597-Map20_reversed	4869	I	LTR	Copia	105	2
Btab-B-R20911-Map3	3099	I	LINE	NA	1466	2
Btab-B-G7942-Map20	1649	I	LINE	NA	115	1
Btab-B-R13984-Map7_reversed	4424	I	LTR	Be:l-Pao	33	1
Btab-B-G9703-Map6	4604	I	LTR	Gypsy	45	6
Btab-B-R1497-Map4	880	I	PLE	Penelope	30	2
Btab-B-R6546-Map10_reversed	1630	I	LINE	Jockey	71	1
Btab-B-R5401-Map7	1100	I	LINE	SART	135	2
Btab-B-G11038-Map4	368	I	SINE	NA	12	1
Btab-B-R4966-Map3	673	I	LINE	R2	10	2
Btab-B-R6317-Map5	1478	I	LINE	NA	41	1
Btab-B-R3296-Map20	831	I	TRIM	TRIM	1036	3
Btab-B-R2523-Map20	5235	I	LINE	Jockey	139	3
Btab-B-R19113-Map3	679	I	LINE	Jockey	10	4
Btab-B-R18341-Map3	411	I	LTR	Copia	3	1
Btab-B-R4990-Map3	568	I	TRIM	TRIM	17	3
Btab-B-R19041-Map7_reversed	1735	I	LTR	Be:l-Pao	13	1
Btab-B-R20543-Map4	1390	I	LTR	Gypsy	52	2
Btab-B-G11892-Map3	491	I	TRIM	TRIM	26	9
Btab-B-G2946-Map5	1041	I	TRIM	TRIM	22	1
Btab-B-R5740-Map9	2960	I	LINE	Loa	18	1
Btab-B-G9664-Map4	4207	I	LINE	RTE	33	1
Btab-B-R1293-Map4	738	I	LINE	I	120	1
Btab-B-R15280-Map3	709	I	TRIM	TRIM	7	2

Btab-B-R14950-Map3_reversed	3016	I	LTR	Copia	15	3
Btab-B-R8149-Map9	5039	I	LARD	NA	469	2
Btab-B-R6583-Map4	907	I	PLE	Penelope	370	3
Btab-B-R5307-Map3	1282	I	LINE	Jockey	33	1
Btab-B-R15316-Map16	829	I	TRIM	TRIM	33	1
Btab-B-R9331-Map3	1660	I	LTR	Be:l-Pao	5	2
Btab-B-R8430-Map3	2168	I	LINE	SART	20	2
Btab-B-R14029-Map6	515	I	TRIM	TRIM	411	5
Btab-B-R12097-Map6_reversed	2182	I	LINE	Jockey	31	1
Btab-B-R14214-Map7	4854	I	LINE	Jockey	25	4
Btab-B-G8532-Map3	1948	I	TRIM	TRIM	163	5
Btab-B-R13537-Map6	815	I	TRIM	TRIM	55	2
Btab-B-R15923-Map3	775	I	LTR	Gypsy	6	1
Btab-B-R4157-Map4	1583	I	LTR	Copia	18	1
Btab-B-R12405-Map3	1186	I	LINE	NA	80	2
Btab-B-G8119-Map9	1926	I	LINE	NA	578	1
Btab-B-R14840-Map3_reversed	2011	I	LTR	Copia	16	1
Btab-B-G8402-Map3	1908	I	LINE	NA	1023	1
Btab-B-R14648-Map4	2430	I	LINE	Jockey	11	2
Btab-B-R4786-Map20	4511	I	LINE	R2	250	1
Btab-B-R1238-Map20_reversed	4894	I	LINE	Jockey	85	3
Btab-B-G9075-Map8_reversed	2364	I	LINE	Jockey	38	5
Btab-B-R19482-Map3	757	I	LINE	Waldo	87	2
Btab-B-G2342-Map16_reversed	734	I	LINE	R2	147	2
Btab-B-R6286-Map20_reversed	3223	I	LINE	Jockey	47	3
Btab-B-R8812-Map4	1154	I	LTR	Gypsy	8	3
Btab-B-R2184-Map20_reversed	6262	I	LINE	Jockey	117	5
Btab-B-G9468-Map3	3516	I	PLE	Penelope	179	3
Btab-B-G8165-Map3	2305	I	TRIM	TRIM	146	12
Btab-B-R12812-Map6	3059	I	LTR	Gypsy	17	2
Btab-B-R4142-Map10_reversed	2257	I	LINE	R1	30	2
Btab-B-R12213-Map8	1666	I	LTR	Gypsy	39	4
Btab-B-R10091-Map15	7428	I	LTR	Be:l-Pao	83	3

Btab-B-R1439-Map17	1156	I	TRIM	TRIM	89	6
Btab-B-R11743-Map4_reversed	1742	I	LTR	Copia	7	2
Btab-B-R15032-Map12	2580	I	TRIM	TRIM	22	3
Btab-B-R7344-Map3	3040	I	LTR	Gypsy	11	2
Btab-B-R628-Map3_reversed	1248	I	LINE	Jockey	60	1
Btab-B-R8572-Map9	4916	I	LTR	Copia	50	4
Btab-B-R14974-Map4_reversed	1922	I	LINE	Jockey	43	3
Btab-B-R8290-Map12_reversed	4135	I	LTR	Be:l-Pao	24	2
Btab-B-G4595-Map7	882	I	LINE	NA	91	1
Btab-B-R10734-Map4	777	I	PLE	Penelope	129	2
Btab-B-G3164-Map3	814	I	TRIM	TRIM	11	1
Btab-B-G3516-Map20	671	I	SINE	NA	53	2
Btab-B-G9853-Map20	584	I	LINE	RTE	707	3
Btab-B-R3087-Map12	5232	I	LTR	Gypsy	26	1
Btab-B-R6260-Map10	1466	I	LINE	NA	11	2
Btab-B-R9861-Map3	996	I	LTR	Copia	15	1
Btab-B-R315-Map3	1912	I	Unclassified	NA	111	2
Btab-B-R10085-Map12_reversed	3280	I	LINE	R1	59	1
Btab-B-G2709-Map7	648	I	LINE	R2	36	1
Btab-B-R12949-Map6_reversed	3512	I	LTR	Copia	27	3
Btab-B-G7151-Map4	1183	I	LINE	Waldo	83	2
Btab-B-G13233-Map5	484	I	TRIM	TRIM	13	4
Btab-B-G637-Map7	777	I	TRIM	TRIM	8	2
Btab-B-R6414-Map6_reversed	1197	I	PLE	Penelope	107	1
Btab-B-G3885-Map20	655	I	SINE	NA	24	2
Btab-B-R2602-Map12	3235	I	TRIM	TRIM	34	1
Btab-B-R164-Map13	2323	I	LINE	SART	32	2
Btab-B-G634-Map20	1459	I	TRIM	TRIM	177	1
Btab-B-R20333-Map3	1969	I	LTR	Be:l-Pao	96	2
Btab-B-G4374-Map20	713	I	LINE	RTE	195	1
Btab-B-R15566-Map9_reversed	4178	I	LTR	Be:l-Pao	49	1
Btab-B-G9251-Map4	1628	I	TRIM	TRIM	51	3
Btab-B-R3940-Map19	4928	I	LINE	Jockey	64	3

Btab-B-R12683-Map3	768	I	LINE	NA	643	2
Btab-B-R17874-Map3	2718	I	LINE	NA	517	3
Btab-B-G7419-Map3	1738	I	LTR	Copia	8	1
Btab-B-R10095-Map4_reversed	1408	I	LINE	R2	20	1
Btab-B-R24985-Map3	2410	I	LINE	R2	1316	2
Btab-B-G6954-Map4	1649	I	TRIM	TRIM	7	1
Btab-B-G2963-Map13	615	I	PLE	Penelope	44	1
Btab-B-R1766-Map5	589	I	LINE	Jockey	31	3
Btab-B-G10287-Map8	434	I	LTR	Be:l-Pao	15	9
Btab-B-G9671-Map5	2602	I	TRIM	TRIM	11	1
Btab-B-G436-Map20	2180	I	LINE	NA	131	1
Btab-B-G85-Map20	1677	I	LINE	NA	97	1
Btab-B-R15917-Map7	1214	I	LTR	Be:l-Pao	9	1
Btab-B-R471-Map20	3153	I	LINE	RTE	61	11
Btab-B-R356-Map20	3228	I	LINE	RTE	999	58
Btab-B-R4596-Map13	1523	I	LARD	NA	33	2
Btab-B-G6221-Map3	1403	I	TRIM	TRIM	23	2
Btab-B-R7285-Map4	1034	I	LINE	SART	17	1
Btab-B-R4323-Map11	1656	I	PLE	Penelope	171	3
Btab-B-R610-Map11	2859	I	LTR	Be:l-Pao	54	1
Btab-B-R7252-Map4	1658	I	LTR	Gypsy	14	3
Btab-B-R173-Map20	2301	I	LINE	NA	547	1
Btab-B-G7916-Map3	1648	I	LTR	Be:l-Pao	53	2
Btab-B-R4083-Map8	3143	I	LINE	Jockey	69	2
Btab-B-R19440-Map3	1333	I	LINE	Jockey	25	4
Btab-B-R6197-Map4	6049	I	LINE	R1	60	3
Btab-B-R15215-Map3	1033	I	LTR	Be:l-Pao	4	1
Btab-B-R1601-Map20_reversed	5111	I	LINE	Jockey	650	6
Btab-B-R3434-Map7	1083	I	LINE	Jockey	21	1
Btab-B-R14529-Map3	4245	I	LTR	Gypsy	10	2
Btab-B-R11673-Map7_reversed	3766	I	LINE	I	22	1
Btab-B-R19448-Map14	3522	I	TRIM	TRIM	7	1
Btab-B-R7431-Map4	1290	I	TRIM	TRIM	20	2

Btab-B-R20085-Map3	1382	I	LINE	NA	19	2
Btab-B-R12928-Map6_reversed	4125	I	LTR	Copia	38	1
Btab-B-R11515-Map4_reversed	490	I	LINE	Jockey	7	3
Btab-B-G10471-Map12	388	I	SINE	NA	16	2
Btab-B-R3047-Map4	1002	I	LINE	Nimb	70	2
Btab-B-R3578-Map4_reversed	1314	I	LINE	I	61	2
Btab-B-R1220-Map3	499	I	TRIM	TRIM	520	7
Btab-B-R2764-Map9	5317	I	LINE	Jockey	105	7
Btab-B-R2357-Map4	1340	I	LTR	Copia	9	2
Btab-B-R5011-Map3_reversed	1499	I	LTR	Gypsy	10	1
Btab-B-R11637-Map4	553	I	SINE	NA	59	2
Btab-B-G9477-Map10	3184	I	LINE	RTE	1191	10
Btab-B-G4566-Map3	887	I	LINE	Nimb	295	1
Btab-B-R6017-Map6	8400	I	LINE	NA	729	0
Btab-B-R11668-Map4	2185	I	LINE	NA	67	3
Btab-B-R393-Map5	796	I	PLE	Penelope	113	2
Btab-B-R7149-Map16_reversed	5110	I	LTR	Copia	34	1
Btab-B-R8347-Map5	1913	I	LTR	Copia	13	2
Btab-B-G9583-Map3_reversed	4573	I	LTR	Copia	25	2
Btab-B-R3568-Map11_reversed	3138	I	LINE	Vingi	54	2
Btab-B-R4841-Map9_reversed	1064	I	LINE	RTE	607	2
Btab-B-R1217-Map20	4550	I	LINE	Jockey	88	1
Btab-B-R1456-Map6	1504	I	TRIM	TRIM	150	11
Btab-B-R10730-Map3	1130	I	LTR	Copia	3	1
Btab-B-R3215-Map20	8151	I	LINE	NA	742	3
Btab-B-R8201-Map6	1073	I	TRIM	TRIM	46	1
Btab-B-R17964-Map5	1274	I	TRIM	TRIM	12	1
Btab-B-R13413-Map3_reversed	1109	I	LINE	R1	45	2
Btab-B-R20616-Map3	850	I	LTR	Gypsy	6	4
Btab-B-G2608-Map6	640	I	TRIM	TRIM	10	1
Btab-B-R12929-Map15	6587	I	LTR	Gypsy	47	1
Btab-B-R19282-Map3	717	I	LTR	Gypsy	4	2
Btab-B-R2043-Map20_reversed	3229	I	LINE	RTE	544	1

Btab-B-G10550-Map3	548	I	LINE	Jockey	59	2
Btab-B-G7150-Map5	1280	I	LINE	NA	56	12
Btab-B-G6655-Map10_reversed	1280	I	LINE	Jockey	48	1
Btab-B-G12606-Map4	436	I	SINE	NA	36	1
Btab-B-G525-Map3	3647	I	LINE	Jockey	28	1
Btab-B-G2989-Map3	579	I	PLE	Penelope	100	1
Btab-B-R1770-Map20_reversed	5107	I	LINE	Jockey	78	3
Btab-B-G1681-Map3	573	I	LTR	Gypsy	2	2
Btab-B-R7250-Map6_reversed	2787	I	LTR	Gypsy	22	1
Btab-B-R8021-Map3	1208	I	TRIM	TRIM	189	2
Btab-B-R236-Map18_reversed	5036	I	LTR	Gypsy	46	2
Btab-B-R8487-Map14_reversed	1821	I	PLE	Penelope	115	2
Btab-B-R2508-Map20	1513	I	LINE	Nimb	136	1
Btab-B-G9822-Map5	4187	I	TRIM	TRIM	32	3
Btab-B-R3245-Map7_reversed	1409	I	LINE	Jockey	37	2
Btab-B-R15299-Map4	2013	I	LTR	Be:l-Pao	8	2
Btab-B-R12216-Map6	3418	I	LTR	Gypsy	23	3
Btab-B-R10067-Map3	669	I	LTR	Be:l-Pao	4	1
Btab-B-G13109-Map5	528	I	TRIM	TRIM	1	1
Btab-B-G9090-Map12	3218	I	LINE	NA	314	3
Btab-B-R8282-Map7	1609	I	LINE	NA	18	0

ETs	Taille	classe	order	sFamille	copies	FLC
Btab-B-G4253-Map14	1026	II	TIR	Tc1-Mariner	92	5
Btab-B-G364-Map20	3173	II	TIR	NA	165	23
Btab-B-R12060-Map3	658	II	MITE	MITE	44	2
Btab-B-R7726-Map3	938	II	TIR	NA	27	3
Btab-B-R499-Map20	1879	II	MITE	MITE	158	65
Btab-B-R6358-Map20	1129	II	TIR	NA	87	14
Btab-B-G4659-Map10_reversed	863	II	TIR	Ginger	67	8
Btab-B-G12053-Map8	434	II	MITE	MITE	13	8
Btab-B-G8395-Map3	2136	II	Helitron	Helitron	111	2
Btab-B-G9522-Map20	3320	II	TIR	NA	143	20
Btab-B-G10613-Map5	388	II	MITE	MITE	19	4
Btab-B-G6762-Map6	1017	II	TIR	NA	17	8
Btab-B-R6374-Map11	371	II	MITE	MITE	112	32
Btab-B-G9963-Map3	400	II	MITE	MITE	922	48
Btab-B-R13370-Map3	715	II	Unclassified	Ginger	47	2
Btab-B-R8443-Map14	2187	II	TIR	NA	74	4
Btab-B-R2487-Map20	4763	II	TIR	NA	94	4
Btab-B-G11820-Map5	418	II	MITE	MITE	7	5
Btab-B-R11724-Map20	2278	II	TIR	NA	377	2
Btab-B-G1133-Map3	633	II	MITE	MITE	18	6
Btab-B-R515-Map3	1663	II	Helitron	Helitron	15	2
Btab-B-R12220-Map6_reversed	2659	II	TIR	P	18	1
Btab-B-R1659-Map20	391	II	MITE	MITE	48	26
Btab-B-G7410-Map10	1633	II	TIR	NA	51	12
Btab-B-G4757-Map3_reversed	931	II	TIR	Tc1-Mariner	42	1
Btab-B-G10123-Map3	354	II	MITE	MITE	156	2
Btab-B-G8922-Map11	2374	II	TIR	NA	54	10
Btab-B-R8677-Map3	767	II	TIR	NA	10	3
Btab-B-R13121-Map6	1018	II	TIR	NA	27	3

Btab-B-G8666-Map3	1844	II	TIR	hAT	23	3
Btab-B-G8732-Map20	1890	II	TIR	NA	87	41
Btab-B-R7029-Map3	940	II	TIR	NA	14	2
Btab-B-G5708-Map4	1255	II	TIR	NA	45	1
Btab-B-G9612-Map7	3963	II	Unclassified	Academ	536	8
Btab-B-R6552-Map8	909	II	TIR	NA	29	4
Btab-B-G2820-Map20	914	II	TIR	NA	71	16
Btab-B-G4326-Map5	706	II	MITE	MITE	33	5
Btab-B-R59-Map20	354	II	MITE	MITE	597	120
Btab-B-R6400-Map3	780	II	TIR	<i>Mutator</i>	16	3
Btab-B-G10415-Map3	422	II	MITE	MITE	13	3
Btab-B-G8485-Map20	2426	II	TIR	NA	43	5
Btab-B-R2168-Map17	2385	II	TIR	NA	85	5
Btab-B-R7963-Map12	2786	II	MITE	MITE	31	2
Btab-B-G8588-Map3_reversed	2157	II	Maverick	Maverick	70	1
Btab-B-G1212-Map3	671	II	MITE	MITE	702	21
Btab-B-R12136-Map3	928	II	TIR	NA	96	3
Btab-B-R4418-Map7	929	II	TIR	NA	33	11
Btab-B-R2776-Map4	754	II	TIR	NA	23	5
Btab-B-R1300-Map20	1774	II	MITE	MITE	52	6
Btab-B-G9395-Map8	2877	II	TIR	NA	281	8
Btab-B-R465-Map20	1301	II	MITE	MITE	529	7
Btab-B-G9665-Map14	4147	II	TIR	NA	305	14
Btab-B-G8538-Map20	2588	II	TIR	NA	706	22
Btab-B-R3341-Map12	2458	II	TIR	NA	78	4
Btab-B-G8784-Map14	2006	II	MITE	MITE	124	14
Btab-B-G6410-Map3	1176	II	TIR	NA	42	3
Btab-B-R1568-Map20	386	II	MITE	MITE	28	11
Btab-B-G391-Map20	1316	II	MITE	MITE	80	1
Btab-B-G6793-Map20_reversed	1036	II	TIR	Tc1-Mariner	150	34
Btab-B-G3380-Map20	894	II	TIR	NA	44	9
Btab-B-G8906-Map3	2513	II	TIR	NA	36	1
Btab-B-G1458-Map16	641	II	MITE	MITE	396	21

Btab-B-G8818-Map14	2038	II	TIR	NA	42	13
Btab-B-G4297-Map3_reversed	987	II	TIR	Tc1-Mariner	131	4
Btab-B-G4978-Map17	761	II	MITE	MITE	514	18
Btab-B-G3556-Map5	832	II	TIR	NA	19	7
Btab-B-R9912-Map4	621	II	MITE	MITE	12	4
Btab-B-R13088-Map3	1190	II	Unclassified	Academ	13	2
Btab-B-G4995-Map20	1563	II	MITE	MITE	148	16
Btab-B-R656-Map20	487	II	MITE	MITE	64	16
Btab-B-G3972-Map3	895	II	MITE	MITE	213	13
Btab-B-G259-Map20	2353	II	MITE	MITE	117	7
Btab-B-G5747-Map20	1161	II	MITE	MITE	96	37
Btab-B-G528-Map7	1917	II	MITE	MITE	18	2
Btab-B-G11293-Map3	446	II	MITE	MITE	116	22
Btab-B-G12037-Map7	551	II	MITE	MITE	31	9
Btab-B-R6725-Map20	2768	II	Helitron	Helitron	107	3
Btab-B-R4563-Map20	3641	II	TIR	NA	371	3
Btab-B-R390-Map20	545	II	MITE	MITE	264	15
Btab-B-G1534-Map20	857	II	TIR	NA	43	10
Btab-B-G13044-Map7	492	II	MITE	MITE	62	8
Btab-B-R14051-Map15	1545	II	TIR	NA	108	4
Btab-B-R2535-Map3	903	II	TIR	<i>Mutator</i>	9	3
Btab-B-R2881-Map6	1023	II	TIR	<i>Mutator</i>	17	3
Btab-B-G11989-Map6	554	II	MITE	MITE	24	8
Btab-B-R1034-Map6	581	II	MITE	MITE	10	5
Btab-B-G6598-Map4	1386	II	TIR	NA	99	7
Btab-B-R5922-Map3	819	II	TIR	NA	29	4
Btab-B-R6154-Map8_reversed	928	II	TIR	Tc1-Mariner	50	18
Btab-B-G13064-Map3	461	II	MITE	MITE	29	4
Btab-B-R505-Map20	504	II	MITE	MITE	89	30
Btab-B-G5800-Map3	990	II	MITE	MITE	67	3
Btab-B-G13116-Map7	465	II	MITE	MITE	15	6
Btab-B-R2545-Map5_reversed	1908	II	TIR	hAT	14	2
Btab-B-G1350-Map4	683	II	MITE	MITE	5	1

Btab-B-R1071-Map3	2136	II	TIR	CACTA	19	2
Btab-B-G6400-Map5	1837	II	MITE	MITE	59	2
Btab-B-G10010-Map20	558	II	MITE	MITE	245	45
Btab-B-G4919-Map3	1442	II	MITE	MITE	68	1
Btab-B-G9678-Map16	5423	II	TIR	NA	793	8
Btab-B-R866-Map10	895	II	TIR	NA	31	7
Btab-B-G10615-Map5	379	II	MITE	MITE	12	1
Btab-B-R303-Map5_reversed	2007	II	Unclassified	Academ	26	2
Btab-B-G1703-Map6	625	II	MITE	MITE	158	25
Btab-B-G9579-Map3	3689	II	TIR	NA	53	2
Btab-B-R3171-Map20	3825	II	TIR	NA	115	10
Btab-B-R4-Map20	672	II	MITE	MITE	115	4
Btab-B-G377-Map20	937	II	MITE	MITE	17	3
Btab-B-R2784-Map12	1308	II	TIR	NA	40	7
Btab-B-R7007-Map8	1279	II	MITE	MITE	19	1
Btab-B-G10726-Map20	402	II	MITE	MITE	132	29
Btab-B-G5388-Map7	799	II	TIR	NA	34	7
Btab-B-G978-Map20	976	II	MITE	MITE	96	2
Btab-B-G8882-Map9	2214	II	TIR	NA	108	11
Btab-B-R13416-Map5	1484	II	Unclassified	Academ	6	1
Btab-B-R2799-Map20	2435	II	MITE	MITE	107	2
Btab-B-R441-Map20	1547	II	TIR	NA	150	72
Btab-B-R503-Map20	2848	II	MITE	MITE	270	28
Btab-B-R1942-Map4	809	II	TIR	NA	16	2
Btab-B-R15296-Map3_reversed	1084	II	Maverick	Maverick	9	2
Btab-B-R2841-Map9	1757	II	Unclassified	Academ	17	1
Btab-B-G11638-Map4	388	II	MITE	MITE	40	10
Btab-B-R5389-Map20	2585	II	MITE	MITE	72	2
Btab-B-G8052-Map10	1425	II	TIR	NA	26	11
Btab-B-G11698-Map7	414	II	MITE	MITE	45	13
Btab-B-R3999-Map3	621	II	MITE	MITE	68	16
Btab-B-R11723-Map5	684	II	MITE	MITE	146	5
Btab-B-G4049-Map20	1062	II	TIR	NA	119	20

Btab-B-R8845-Map3	956	II	TIR	Tc1-Mariner	7	3
Btab-B-G6648-Map13	985	II	TIR	NA	38	13
Btab-B-G6981-Map5	1364	II	TIR	NA	126	3
Btab-B-R8031-Map3	556	II	MITE	MITE	22	3
Btab-B-R4351-Map20	4379	II	TIR	NA	107	2
Btab-B-R943-Map10	392	II	MITE	MITE	9	3
Btab-B-R2065-Map6_reversed	1077	II	TIR	hAT	52	1
Btab-B-R8662-Map7	736	II	TIR	NA	78	3
Btab-B-R5117-Map11	424	II	MITE	MITE	78	10
Btab-B-R18789-Map4	887	II	Helitron	Helitron	280	2
Btab-B-R7708-Map11	1317	II	MITE	MITE	207	58
Btab-B-G1808-Map9	725	II	MITE	MITE	817	19
Btab-B-R14271-Map3	813	II	MITE	MITE	14	2
Btab-B-R7103-Map20	11468	II	Maverick	Maverick	2187	1
Btab-B-R8999-Map3	859	II	TIR	<i>Mutator</i>	22	2
Btab-B-G1302-Map3	836	II	TIR	NA	269	5
Btab-B-R987-Map5	836	II	TIR	NA	22	4
Btab-B-G4494-Map19	776	II	MITE	MITE	55	9
Btab-B-G11507-Map9	393	II	MITE	MITE	25	8
Btab-B-G8881-Map13	1997	II	MITE	MITE	317	18
Btab-B-G187-Map20	1278	II	MITE	MITE	104	1
Btab-B-R3802-Map20	2126	II	TIR	NA	37	13
Btab-B-G6230-Map19	928	II	TIR	NA	195	37
Btab-B-G6392-Map20	1038	II	MITE	MITE	170	27
Btab-B-G8237-Map4	2663	II	TIR	Tc1-Mariner	101	1
Btab-B-G9624-Map5	4368	II	Unclassified	Academ	46	2
Btab-B-G8610-Map6	1749	II	TIR	NA	218	6
Btab-B-R2335-Map20	1076	II	TIR	NA	210	12
Btab-B-G8985-Map20	2486	II	TIR	NA	151	14
Btab-B-R109-Map20	1391	II	MITE	MITE	218	58
Btab-B-G2157-Map20	602	II	MITE	MITE	58	10
Btab-B-R10047-Map3_reversed	3374	II	TIR	Transib	29	2
Btab-B-R1648-Map20	5518	II	TIR	NA	350	2

Btab-B-R341-Map20	2157	II	TIR	NA	423	25
Btab-B-R4492-Map11	1486	II	TIR	hAT	43	4
Btab-B-R1328-Map20	841	II	TIR	NA	33	5
Btab-B-R8582-Map17	4109	II	TIR	NA	77	3
Btab-B-R1111-Map20	4126	II	TIR	NA	325	10
Btab-B-R12331-Map4	2435	II	TIR	NA	12	2
Btab-B-G10630-Map20	537	II	MITE	MITE	941	36
Btab-B-G12503-Map4	430	II	MITE	MITE	34	6
Btab-B-G9812-Map3	7776	II	Maverick	Maverick	663	3
Btab-B-G9569-Map15	3564	II	TIR	NA	338	5
Btab-B-G5204-Map20	1017	II	TIR	NA	23	7
Btab-B-G3811-Map5	845	II	TIR	NA	21	4
Btab-B-R333-Map20	604	II	MITE	MITE	65	17
Btab-B-G3258-Map4	775	II	MITE	MITE	548	8
Btab-B-R1055-Map11	4478	II	TIR	NA	317	2
Btab-B-R2305-Map6	1165	II	TIR	NA	143	10
Btab-B-G6490-Map20_reversed	1040	II	TIR	Tc1-Mariner	220	40
Btab-B-R1052-Map20	676	II	MITE	MITE	98	36
Btab-B-R14830-Map8	2337	II	Maverick	Maverick	188	1
Btab-B-G3491-Map5	870	II	TIR	NA	31	6
Btab-B-G1764-Map11	902	II	MITE	MITE	12	1
Btab-B-G12676-Map10	447	II	MITE	MITE	52	19
Btab-B-G5495-Map4	808	II	MITE	MITE	22	6
Btab-B-R21951-Map3	127	II	MITE	MITE	9	2
Btab-B-G9609-Map3	3938	II	TIR	NA	87	3
Btab-B-R12198-Map7	648	II	MITE	MITE	24	2
Btab-B-G2754-Map4	817	II	TIR	NA	14	2
Btab-B-R1823-Map12	721	II	MITE	MITE	264	2
Btab-B-G1691-Map20	878	II	TIR	NA	74	21
Btab-B-R9526-Map11	2166	II	MITE	MITE	55	2
Btab-B-R2265-Map7	1845	II	TIR	NA	8	4
Btab-B-G11407-Map20	572	II	MITE	MITE	42	10
Btab-B-G9174-Map4	2442	II	TIR	NA	324	5

Btab-B-R1212-Map20	389	II	MITE	MITE	22	16
Btab-B-R2654-Map12	1543	II	TIR	NA	153	11
Btab-B-G13436-Map20	582	II	MITE	MITE	90	1
Btab-B-R9221-Map4	793	II	TIR	NA	21	3
Btab-B-R2116-Map9	1245	II	TIR	<i>Mutator</i>	29	3
Btab-B-R2890-Map9	1933	II	TIR	NA	51	2
Btab-B-G8752-Map3	2023	II	TIR	Tc1-Mariner	59	1
Btab-B-G11127-Map6	561	II	MITE	MITE	949	14
Btab-B-R4021-Map19	3546	II	TIR	NA	112	2
Btab-B-R8922-Map3	802	II	TIR	NA	8	1
Btab-B-R86-Map20	1140	II	TIR	NA	1792	5
Btab-B-R405-Map20	1770	II	TIR	NA	267	21
Btab-B-R9036-Map10	2519	II	MITE	MITE	92	3
Btab-B-G1352-Map20	722	II	MITE	MITE	1051	19
Btab-B-R5974-Map12	4028	II	Unclassified	Sola	2219	2
Btab-B-G5508-Map6	799	II	TIR	<i>Mutator</i>	10	1
Btab-B-R4469-Map20	1866	II	TIR	NA	60	17
Btab-B-G5309-Map3	1001	II	TIR	Tc1-Mariner	103	4
Btab-B-R18246-Map7	817	II	Helitron	Helitron	11	2
Btab-B-G10767-Map3	384	II	MITE	MITE	19	3
Btab-B-R4569-Map5	357	II	MITE	MITE	133	15
Btab-B-G9074-Map11	2818	II	MITE	MITE	183	6
Btab-B-G6000-Map3	1752	II	MITE	MITE	14	1
Btab-B-R559-Map20	1412	II	TIR	NA	163	66
Btab-B-R4278-Map9	2230	II	TIR	NA	48	3
Btab-B-G11032-Map7	419	II	MITE	MITE	353	41
Btab-B-G3959-Map8	1932	II	TIR	NA	8	1
Btab-B-G8555-Map4	1698	II	TIR	NA	14	3
Btab-B-G7127-Map12	1164	II	TIR	NA	63	12
Btab-B-R239-Map20	504	II	MITE	MITE	48	21
Btab-B-R6579-Map4	1215	II	TIR	hAT	30	2
Btab-B-G2321-Map9	684	II	MITE	MITE	242	3
Btab-B-R370-Map20	479	II	MITE	MITE	92	4

Btab-B-G10865-Map20	427	II	MITE	MITE	72	17
Btab-B-G11705-Map7	397	II	MITE	MITE	134	50
Btab-B-G4002-Map4	776	II	MITE	MITE	914	5
Btab-B-G6524-Map20	1207	II	TIR	NA	93	10
Btab-B-R54-Map20	476	II	MITE	MITE	236	5
Btab-B-R6236-Map20	2493	II	MITE	MITE	78	8
Btab-B-R709-Map20	375	II	MITE	MITE	25	19
Btab-B-G5475-Map4	803	II	TIR	NA	19	3
Btab-B-G4568-Map4	826	II	TIR	NA	138	6
Btab-B-R7737-Map3	857	II	Unclassified	Ginger	6	1
Btab-B-R980-Map20	1647	II	TIR	NA	140	4
Btab-B-R11495-Map6	2653	II	TIR	NA	21	3
Btab-B-G508-Map20	1665	II	MITE	MITE	165	6
Btab-B-G11585-Map9	386	II	MITE	MITE	69	14
Btab-B-R2766-Map9	6396	II	TIR	P	41	2
Btab-B-G75-Map20	1655	II	TIR	NA	219	8
Btab-B-R4125-Map6	805	II	TIR	NA	22	2
Btab-B-G7732-Map20	1515	II	TIR	NA	55	2
Btab-B-G12156-Map5	440	II	MITE	MITE	61	13
Btab-B-R4950-Map9_reversed	2661	II	Helitron	Helitron	26	2
Btab-B-G7366-Map3	1389	II	TIR	Academ	132	1
Btab-B-R9365-Map13	723	II	MITE	MITE	64	9
Btab-B-G1562-Map20	884	II	TIR	NA	78	12
Btab-B-R2396-Map20	3279	II	TIR	Academ	94	4
Btab-B-G10863-Map7	403	II	MITE	MITE	99	15
Btab-B-R7556-Map13	794	II	TIR	NA	50	7
Btab-B-R23907-Map4	445	II	MITE	MITE	144	6
Btab-B-G7207-Map18	1236	II	TIR	NA	670	8
Btab-B-R18400-Map4_reversed	3512	II	TIR	P	18	1
Btab-B-G1685-Map15	568	II	MITE	MITE	50	11
Btab-B-G11267-Map4	422	II	MITE	MITE	51	4
Btab-B-G6171-Map4	987	II	Unclassified	Academ	3	1
Btab-B-G4703-Map9	847	II	MITE	MITE	20	5

Btab-B-G4373-Map20	709	II	MITE	MITE	449	1
Btab-B-G11273-Map4	374	II	MITE	MITE	271	90
Btab-B-G8073-Map14	1485	II	TIR	NA	40	5
Btab-B-R16833-Map3	679	II	MITE	MITE	14	2
Btab-B-R12596-Map3	2138	II	TIR	Tc1-Mariner	35	2
Btab-B-R13024-Map8	1412	II	TIR	NA	531	2
Btab-B-R2607-Map20	904	II	TIR	NA	27	8
Btab-B-G11941-Map19	415	II	MITE	MITE	55	11
Btab-B-G9361-Map4	2850	II	TIR	NA	14	3
Btab-B-G4727-Map3	746	II	MITE	MITE	63	3
Btab-B-G2257-Map3	663	II	MITE	MITE	462	11
Btab-B-R2057-Map6	927	II	TIR	NA	29	2
Btab-B-G5456-Map3	845	II	TIR	NA	18	4
Btab-B-R2260-Map15	824	II	TIR	NA	13	1
Btab-B-G11365-Map3	416	II	MITE	MITE	22	3
Btab-B-G10904-Map14	381	II	MITE	MITE	144	32
Btab-B-G5534-Map13	1308	II	MITE	MITE	66	11
Btab-B-G8204-Map4	1511	II	TIR	NA	15	4
Btab-B-G422-Map6	2015	II	TIR	NA	115	2
Btab-B-R8545-Map16	7370	II	TIR	NA	1018	1
Btab-B-R4825-Map12	1168	II	TIR	NA	169	8
Btab-B-R809-Map20	2960	II	TIR	NA	89	4
Btab-B-R11740-Map6	1667	II	TIR	NA	31	1
Btab-B-R12888-Map3	1123	II	Maverick	Maverick	9	1
Btab-B-R7378-Map4	4114	II	TIR	<i>Mutator</i>	9	3
Btab-B-G11184-Map4	390	II	MITE	MITE	14	3
Btab-B-R4646-Map10	405	II	MITE	MITE	1055	14
Btab-B-R4751-Map7	954	II	TIR	NA	164	8
Btab-B-G1379-Map20	590	II	MITE	MITE	84	10
Btab-B-R2802-Map15	999	II	MITE	MITE	78	18
Btab-B-R2064-Map5	990	II	MITE	MITE	20	2
Btab-B-G7416-Map4	1213	II	TIR	Ginger	73	4
Btab-B-R1206-Map20	2906	II	MITE	MITE	609	3

Btab-B-G653-Map20	615	II	MITE	MITE	293	10
Btab-B-R1079-Map8	2117	II	TIR	<i>Mutator</i>	36	2
Btab-B-G3455-Map3	664	II	MITE	MITE	24	3
Btab-B-R8676-Map16	1801	II	MITE	MITE	114	2
Btab-B-G9403-Map20	3140	II	TIR	NA	100	18
Btab-B-G6715-Map10	1485	II	MITE	MITE	391	5
Btab-B-R2086-Map20	723	II	MITE	MITE	275	10
Btab-B-R870-Map3	555	II	MITE	MITE	206	5
Btab-B-G8074-Map3	3813	II	Maverick	Maverick	147	1
Btab-B-R14788-Map3_reversed	1910	II	TIR	Tc1-Mariner	298	2
Btab-B-R6267-Map4	4562	II	TIR	hAT	904	1
Btab-B-R2106-Map18	1473	II	TIR	NA	97	3
Btab-B-G235-Map6_reversed	13050	II	Maverick	Maverick	125	2
Btab-B-G6867-Map5	1307	II	TIR	NA	52	3
Btab-B-G2315-Map5	573	II	MITE	MITE	27	7
Btab-B-R14789-Map5_reversed	2013	II	TIR	Tc1-Mariner	82	2
Btab-B-G5594-Map7	1000	II	TIR	NA	75	5
Btab-B-G8094-Map3	1508	II	TIR	NA	11	3
Btab-B-R19933-Map3	1862	II	TIR	Tc1-Mariner	40	2
Btab-B-R4251-Map17	556	II	MITE	MITE	96	12
Btab-B-G8709-Map4	2435	II	Maverick	Maverick	39	1
Btab-B-G10149-Map6	407	II	MITE	MITE	142	33
Btab-B-G9611-Map4	3823	II	TIR	NA	54	4
Btab-B-R14944-Map5	4522	II	Maverick	Maverick	32	2
Btab-B-G1686-Map20	676	II	MITE	MITE	135	3
Btab-B-R4992-Map4	877	II	TIR	NA	34	2
Btab-B-R4256-Map7	948	II	MITE	MITE	286	8
Btab-B-G5891-Map3	1172	II	TIR	NA	173	7
Btab-B-R22630-Map3	166	II	MITE	MITE	22	11
Btab-B-G7343-Map9	2148	II	MITE	MITE	50	6
Btab-B-R3910-Map11	1236	II	TIR	NA	125	24
Btab-B-G1368-Map5	588	II	MITE	MITE	94	3
Btab-B-G9414-Map6	3233	II	TIR	NA	115	3

Btab-B-R11220-Map5	719	II	TIR	<i>Mutator</i>	18	3
Btab-B-R6534-Map4	1185	II	TIR	NA	279	6
Btab-B-G398-Map7	1440	II	TIR	NA	141	3
Btab-B-R3608-Map18	1420	II	MITE	MITE	123	13
Btab-B-G3504-Map3	1050	II	TIR	NA	326	12
Btab-B-G914-Map9	562	II	MITE	MITE	291	30
Btab-B-R517-Map3	1362	II	TIR	Transib	23	1
Btab-B-R9296-Map8_reversed	2457	II	TIR	<i>Mutator</i>	45	2
Btab-B-G7145-Map4	1285	II	TIR	NA	1809	5
Btab-B-G9000-Map20	2345	II	TIR	NA	157	25
Btab-B-R18000-Map4	948	II	TIR	NA	44	2
Btab-B-G5924-Map20	2113	II	TIR	NA	259	19
Btab-B-R11720-Map19	6492	II	TIR	NA	3185	4
Btab-B-G8093-Map3	1490	II	TIR	NA	997	3
Btab-B-R9835-Map5_reversed	1334	II	TIR	Tc1-Mariner	101	4
Btab-B-R13072-Map7	949	II	Unclassified	Ginger	12	1
Btab-B-G2537-Map9	769	II	MITE	MITE	58	4
Btab-B-R788-Map18	2243	II	TIR	NA	314	4
Btab-B-R9812-Map15	720	II	MITE	MITE	8	3
Btab-B-R8268-Map3	660	II	MITE	MITE	95	6
Btab-B-R8152-Map4	1894	II	TIR	NA	40	1
Btab-B-R24-Map20	3652	II	TIR	NA	164	8
Btab-B-R1438-Map18	1262	II	TIR	NA	42	10
Btab-B-G125-Map20	1273	II	MITE	MITE	352	71
Btab-B-R9001-Map3_reversed	1577	II	Helitron	Helitron	12	2
Btab-B-R2033-Map6	3172	II	TIR	NA	809	2
Btab-B-R4355-Map11	1623	II	TIR	hAT	936	5
Btab-B-R2354-Map19	763	II	TIR	<i>Mutator</i>	12	2
Btab-B-R5989-Map4	895	II	TIR	NA	16	5
Btab-B-R58-Map20	658	II	MITE	MITE	51	2
Btab-B-R5472-Map3	685	II	MITE	MITE	50	2
Btab-B-R13500-Map5	1805	II	TIR	<i>Mutator</i>	15	2
Btab-B-R4437-Map3	762	II	TIR	hAT	9	2

Btab-B-G8950-Map11	2514	II	TIR	NA	25	2
Btab-B-R590-Map20	979	II	TIR	NA	25	4
Btab-B-G1056-Map3	642	II	TIR	Tc1-Mariner	47	1
Btab-B-R3196-Map19	3064	II	TIR	NA	448	4
Btab-B-R1904-Map20	735	II	TIR	NA	42	3
Btab-B-R6490-Map20	2469	II	TIR	NA	77	5
Btab-B-R7269-Map5	664	II	MITE	MITE	15	5
Btab-B-G5679-Map3	1683	II	TIR	NA	70	6
Btab-B-G2789-Map6	770	II	TIR	NA	756	16
Btab-B-R3528-Map17	2415	II	TIR	NA	443	2
Btab-B-R6830-Map3	593	II	MITE	MITE	6	2
Btab-B-R1068-Map6	1868	II	Unclassified	NA	89	1
Btab-B-G5031-Map3	843	II	MITE	MITE	43	5
Btab-B-G10319-Map4	416	II	Unclassified	NA	4	1
Btab-B-G3877-Map20	688	II	MITE	MITE	52	1
Btab-B-G9073-Map3	2363	II	TIR	Tc1-Mariner	30	2
Btab-B-G6072-Map18	952	II	MITE	MITE	58	9
Btab-B-R223-Map18	1175	II	TIR	<i>Mutator</i>	70	2
Btab-B-R10070-Map9	1750	II	TIR	NA	94	5
Btab-B-G595-Map20	2426	II	MITE	MITE	112	1
Btab-B-R13272-Map3_reversed	968	II	TIR	Tc1-Mariner	127	17
Btab-B-R2870-Map12	774	II	TIR	<i>Mutator</i>	17	9
Btab-B-R7036-Map19	1970	II	TIR	NA	150	9
Btab-B-G9241-Map5	2670	II	TIR	NA	487	5
Btab-B-R19019-Map3	2037	II	TIR	hAT	516	2
Btab-B-G9642-Map3	4028	II	Helitron	Helitron	184	3
Btab-B-R93-Map20	1069	II	TIR	Tc1-Mariner	104	31
Btab-B-R1640-Map4	688	II	MITE	MITE	243	8
Btab-B-G10690-Map3	373	II	MITE	MITE	31	7
Btab-B-R7018-Map14	2728	II	MITE	MITE	117	1
Btab-B-G7220-Map20	1291	II	Unclassified	NA	37	1
Btab-B-G2233-Map20	565	II	MITE	MITE	106	18
Btab-B-R281-Map20	468	II	MITE	MITE	607	217

Btab-B-R2376-Map7	2047	II	TIR	NA	14	1
Btab-B-R336-Map20	1597	II	TIR	NA	345	49
Btab-B-R3516-Map20	1619	II	TIR	NA	261	6
Btab-B-R22751-Map3	114	II	MITE	MITE	80	9
Btab-B-R3178-Map4_reversed	1461	II	TIR	Merlin	23	3
Btab-B-G7552-Map3	1931	II	TIR	NA	701	3
Btab-B-G1727-Map3	689	II	MITE	MITE	472	18
Btab-B-R349-Map20	371	II	MITE	MITE	48	32
Btab-B-G13340-Map17	494	II	MITE	MITE	29	3
Btab-B-G7176-Map6	1610	II	TIR	NA	357	12
Btab-B-G10572-Map4	391	II	MITE	MITE	70	21
Btab-B-G1464-Map4	661	II	MITE	MITE	19	3
Btab-B-G7667-Map5	1463	II	TIR	NA	16	6
Btab-B-G2327-Map20	946	II	TIR	NA	56	5
Btab-B-G11630-Map3	458	II	MITE	MITE	12	4
Btab-B-G6697-Map5	1590	II	TIR	NA	356	115
Btab-B-G5912-Map20	1027	II	MITE	MITE	190	46
Btab-B-G2224-Map4	769	II	TIR	NA	725	18
Btab-B-G7499-Map10	1714	II	MITE	MITE	108	18
Btab-B-G12886-Map6	508	II	MITE	MITE	37	9
Btab-B-R7432-Map11	2754	II	TIR	NA	73	1
Btab-B-G10388-Map5	386	II	MITE	MITE	14	2
Btab-B-G12189-Map4	444	II	MITE	MITE	6	4
Btab-B-G5174-Map5	841	II	TIR	NA	60	7
Btab-B-G3365-Map16	615	II	MITE	MITE	68	1
Btab-B-R2183-Map7	868	II	TIR	NA	42	9
Btab-B-G10764-Map7	394	II	MITE	MITE	41	13
Btab-B-R13506-Map3	6620	II	Unclassified	NA	414	2
Btab-B-G2129-Map10	772	II	TIR	NA	50	3
Btab-B-G1619-Map3	581	II	TIR	Tc1-Mariner	5	3
Btab-B-R1200-Map20	1082	II	MITE	MITE	379	36
Btab-B-R22-Map6_reversed	916	II	TIR	Tc1-Mariner	10	1
Btab-B-G568-Map20	1360	II	MITE	MITE	47	4

Btab-B-G7111-Map17	1192	II	MITE	MITE	108	19
Btab-B-R8346-Map5	1264	II	TIR	NA	114	3
Btab-B-G11974-Map20	525	II	MITE	MITE	248	7
Btab-B-G1068-Map20	770	II	TIR	NA	56	12
Btab-B-R1194-Map9	1268	II	TIR	NA	78	3
Btab-B-G6963-Map3	1480	II	MITE	MITE	94	2
Btab-B-R1259-Map16	2426	II	TIR	NA	19	5
Btab-B-G3701-Map3	929	II	TIR	NA	34	3
Btab-B-G6557-Map18	1059	II	TIR	NA	76	17
Btab-B-G12129-Map17	443	II	MITE	MITE	31	14
Btab-B-G8183-Map10	1748	II	TIR	NA	58	11
Btab-B-G7735-Map4	1899	II	TIR	NA	80	8
Btab-B-G4092-Map10	667	II	MITE	MITE	23	7
Btab-B-G2796-Map7	895	II	TIR	Tc1-Mariner	24	1
Btab-B-R2014-Map20	4545	II	TIR	NA	353	7
Btab-B-R1442-Map20	1688	II	TIR	NA	516	5
Btab-B-R4137-Map5	620	II	MITE	MITE	24	4
Btab-B-R619-Map12	905	II	TIR	NA	54	6
Btab-B-R2886-Map3	905	II	TIR	Tc1-Mariner	7	2
Btab-B-R2893-Map20	980	II	TIR	NA	87	19
Btab-B-R1064-Map3	547	II	MITE	MITE	21	9
Btab-B-G4587-Map3	713	II	MITE	MITE	11	2
Btab-B-G13776-Map7	533	II	MITE	MITE	17	8
Btab-B-R5712-Map11	523	II	MITE	MITE	57	11
Btab-B-R12346-Map10	3336	II	TIR	NA	602	1
Btab-B-G2494-Map10	719	II	MITE	MITE	126	13
Btab-B-G8868-Map10	3053	II	Maverick	Maverick	89	3
Btab-B-R3137-Map5	862	II	TIR	NA	74	13
Btab-B-R257-Map20	499	II	MITE	MITE	293	21
Btab-B-G3280-Map20	1798	II	TIR	NA	156	2
Btab-B-G3949-Map11	912	II	TIR	NA	54	20
Btab-B-R16789-Map4	4126	II	Maverick	Maverick	15	2
Btab-B-G9008-Map20	2416	II	TIR	NA	124	2

Btab-B-R2493-Map9_reversed	2346	II	TIR	Tc1-Mariner	81	2
Btab-B-G11011-Map8	524	II	MITE	MITE	85	17
Btab-B-G8265-Map6	1737	II	TIR	NA	47	7
Btab-B-R1554-Map20	590	II	MITE	MITE	48	9
Btab-B-R472-Map20	447	II	MITE	MITE	178	86
Btab-B-R4203-Map20	329	II	MITE	MITE	480	241
Btab-B-G5293-Map3	775	II	MITE	MITE	16	4
Btab-B-G3376-Map3	894	II	TIR	NA	20	7
Btab-B-R8684-Map7	1617	II	MITE	MITE	64	4
Btab-B-G4671-Map20	1279	II	MITE	MITE	516	43
Btab-B-G1715-Map3	579	II	MITE	MITE	65	1
Btab-B-G498-Map8	2433	II	TIR	NA	31	1
Btab-B-G11340-Map3	383	II	MITE	MITE	27	6
Btab-B-R10114-Map15	3693	II	TIR	NA	190	2
Btab-B-G1073-Map4	607	II	MITE	MITE	626	14
Btab-B-G8040-Map6	1428	II	TIR	NA	49	6
Btab-B-R7409-Map4	3658	II	Maverick	Maverick	152	1
Btab-B-G532-Map13	945	II	MITE	MITE	66	1
Btab-B-R6846-Map20	2221	II	TIR	NA	13	1
Btab-B-R504-Map10	752	II	TIR	NA	32	13
Btab-B-R107-Map20	692	II	MITE	MITE	102	1
Btab-B-R625-Map10	2921	II	TIR	NA	197	5
Btab-B-R4120-Map20	920	II	TIR	NA	101	18
Btab-B-G2899-Map4	898	II	TIR	NA	62	19
Btab-B-R5077-Map5	1327	II	MITE	MITE	59	3
Btab-B-G4451-Map3	826	II	MITE	MITE	87	5
Btab-B-G1230-Map20	817	II	TIR	NA	112	28
Btab-B-G13680-Map5	528	II	MITE	MITE	19	7
Btab-B-G12991-Map6	493	II	MITE	MITE	545	31
Btab-B-R1006-Map3_reversed	791	II	TIR	<i>Mutator</i>	11	2
Btab-B-G13264-Map15	468	II	MITE	MITE	28	2
Btab-B-G7925-Map20	1629	II	TIR	NA	125	3
Btab-B-G477-Map20	2911	II	TIR	NA	60	3

Btab-B-G8862-Map20	2053	II	MITE	MITE	437	10
Btab-B-G533-Map20	1118	II	MITE	MITE	98	3
Btab-B-G5851-Map20	1314	II	TIR	NA	501	8
Btab-B-G13140-Map3	551	II	MITE	MITE	8	3
Btab-B-R3534-Map20	1351	II	TIR	NA	176	10
Btab-B-R4968-Map6	1104	II	TIR	NA	23	7
Btab-B-R2892-Map5	1300	II	TIR	<i>Mutator</i>	26	3
Btab-B-R13120-Map15	2250	II	TIR	NA	147	3
Btab-B-G3178-Map4	809	II	TIR	NA	15	3
Btab-B-R151-Map20	507	II	MITE	MITE	110	26
Btab-B-R12967-Map4	1347	II	TIR	Tc1-Mariner	30	3
Btab-B-R854-Map20	592	II	MITE	MITE	24	2
Btab-B-G6086-Map20	1354	II	MITE	MITE	99	23
Btab-B-G3737-Map20	1034	II	TIR	Tc1-Mariner	393	46
Btab-B-R6703-Map5	1084	II	Maverick	Maverick	12	2
Btab-B-R2224-Map4	548	II	MITE	MITE	614	14
Btab-B-G8787-Map15	2075	II	MITE	MITE	99	16
Btab-B-R2390-Map4	1344	II	TIR	NA	41	2
Btab-B-G7990-Map5	1674	II	TIR	Tc1-Mariner	42	1
Btab-B-G1514-Map20	698	II	MITE	MITE	76	40
Btab-B-R604-Map20	440	II	MITE	MITE	40	31
Btab-B-R7129-Map3	2099	II	TIR	NA	22	2
Btab-B-G712-Map20	724	II	MITE	MITE	32	6
Btab-B-R296-Map20	1376	II	MITE	MITE	147	60
Btab-B-R2956-Map20_reversed	1209	II	TIR	Tc1-Mariner	25	14
Btab-B-G8655-Map20	1867	II	MITE	MITE	196	31
Btab-B-R4362-Map4	1182	II	TIR	NA	577	6
Btab-B-R4257-Map5	10914	II	MITE	MITE	599	2
Btab-B-G5071-Map20	1251	II	TIR	NA	113	22
Btab-B-G6805-Map20_reversed	1049	II	TIR	Tc1-Mariner	102	35
Btab-B-G8769-Map3	2460	II	TIR	Tc1-Mariner	688	8
Btab-B-G1424-Map12	861	II	MITE	MITE	578	37
Btab-B-R1171-Map20	632	II	MITE	MITE	102	27

Btab-B-R16776-Map6	2993	II	TIR	NA	16	3
Btab-B-G9187-Map20	4490	II	TIR	NA	336	9
Btab-B-R3980-Map16	2037	II	MITE	MITE	61	1
Btab-B-G9995-Map3	382	II	MITE	MITE	9	2
Btab-B-G6302-Map11	950	II	TIR	NA	28	12
Btab-B-G6907-Map20	1230	II	TIR	NA	579	20
Btab-B-G2850-Map4	845	II	TIR	NA	27	1
Btab-B-R12581-Map3	943	II	TIR	hAT	9	2
Btab-B-R11481-Map16	6193	II	TIR	NA	155	3
Btab-B-G3912-Map6	650	II	MITE	MITE	46	7
Btab-B-G11637-Map4	390	II	MITE	MITE	170	28
Btab-B-G8405-Map20	1722	II	MITE	MITE	49	1
Btab-B-R11526-Map4	698	II	MITE	MITE	20	5
Btab-B-R13172-Map3	794	II	Unclassified	Ginger	22	2
Btab-B-R346-Map20	774	II	MITE	MITE	169	2
Btab-B-G8064-Map4	1499	II	MITE	MITE	58	3
Btab-B-G8796-Map3	2288	II	TIR	NA	301	3
Btab-B-G1125-Map20	754	II	TIR	NA	35	10
Btab-B-R5086-Map20	726	II	MITE	MITE	49	24
Btab-B-G5023-Map3	740	II	MITE	MITE	20	3
Btab-B-G4059-Map4	906	II	TIR	NA	14	2
Btab-B-R7186-Map3	790	II	MITE	MITE	8	3
Btab-B-G12477-Map4	457	II	MITE	MITE	86	11
Btab-B-G9915-Map3	328	II	MITE	MITE	297	45
Btab-B-G4673-Map20	1003	II	TIR	NA	539	28
Btab-B-G7737-Map20	1321	II	TIR	NA	473	21
Btab-B-G11315-Map3	505	II	MITE	MITE	42	3
Btab-B-G6510-Map3	1665	II	MITE	MITE	252	4
Btab-B-G1386-Map20	973	II	TIR	NA	95	11
Btab-B-G10803-Map20	378	II	MITE	MITE	146	52
Btab-B-R13006-Map5	924	II	TIR	<i>Mutator</i>	18	2
Btab-B-R966-Map20	2314	II	MITE	MITE	289	46
Btab-B-G562-Map20	1660	II	Helitron	Helitron	73	3

Btab-B-G8560-Map5	1885	II	MITE	MITE	18	3
Btab-B-R2009-Map20	957	II	TIR	NA	55	12
Btab-B-G7727-Map7	1725	II	TIR	NA	279	3
Btab-B-R20749-Map5	407	II	MITE	MITE	201	44
Btab-B-G9214-Map5	3043	II	TIR	NA	84	3
Btab-B-G8652-Map7	1969	II	TIR	NA	39	8
Btab-B-R2454-Map6	1509	II	TIR	Sola	57	5
Btab-B-G2341-Map20	698	II	Unclassified	Academ	1	1
Btab-B-R4805-Map7	334	II	MITE	MITE	31	8
Btab-B-G6037-Map7	939	II	TIR	NA	44	3
Btab-B-R1076-Map8	2551	II	TIR	NA	68	2
Btab-B-R433-Map8	1656	II	TIR	NA	279	2
Btab-B-R10698-Map3_reversed	3579	II	TIR	CACTA	28	1
Btab-B-G1060-Map20	840	II	TIR	NA	66	16
Btab-B-G9711-Map6	4686	II	TIR	NA	760	4
Btab-B-R3027-Map20	3713	II	TIR	NA	161	1
Btab-B-R1229-Map20	5365	II	TIR	NA	428	2
Btab-B-R3724-Map8	1454	II	TIR	NA	43	2
Btab-B-G10380-Map13	456	II	MITE	MITE	105	22
Btab-B-R4415-Map20	1900	II	TIR	NA	166	19
Btab-B-G10466-Map3	401	II	TIR	P	6	2
Btab-B-G9019-Map5	2351	II	Unclassified	Academ	180	1
Btab-B-R713-Map9	3629	II	TIR	NA	503	4
Btab-B-R13136-Map5	2247	II	MITE	MITE	11	2
Btab-B-R4521-Map20	2857	II	TIR	NA	85	2
Btab-B-G1848-Map3	662	II	MITE	MITE	653	13
Btab-B-G3824-Map4	680	II	MITE	MITE	14	5
Btab-B-R3911-Map13	1786	II	TIR	NA	1032	3
Btab-B-R6125-Map16	3166	II	TIR	NA	39	4
Btab-B-G9373-Map20_reversed	2923	II	Helitron	Helitron	365	46
Btab-B-R302-Map20	1164	II	TIR	NA	54	26
Btab-B-G10131-Map20	343	II	MITE	MITE	126	70
Btab-B-G8959-Map3	2288	II	TIR	NA	77	3

Btab-B-R3332-Map11	820	II	TIR	NA	31	10
Btab-B-G9127-Map20	2364	II	TIR	NA	80	29
Btab-B-R2285-Map20	1661	II	MITE	MITE	103	2
Btab-B-G2459-Map5	586	II	MITE	MITE	15	5
Btab-B-R13411-Map5	1263	II	MITE	MITE	13	2
Btab-B-R452-Map20	6160	II	TIR	NA	467	2
Btab-B-R159-Map20	691	II	MITE	MITE	298	4
Btab-B-R6426-Map13	1514	II	TIR	NA	181	6
Btab-B-G12775-Map20	536	II	MITE	MITE	49	18
Btab-B-G5989-Map14	1047	II	TIR	Ginger	67	7
Btab-B-G8641-Map4	2245	II	TIR	NA	245	2
Btab-B-G5584-Map11	1021	II	MITE	MITE	69	16
Btab-B-G1651-Map20	648	II	MITE	MITE	57	12
Btab-B-G9613-Map20	3831	II	TIR	NA	143	23
Btab-B-R13883-Map3	1149	II	TIR	NA	335	2
Btab-B-G9694-Map3	4507	II	TIR	NA	569	3
Btab-B-G1774-Map3	860	II	TIR	NA	323	3
Btab-B-R38-Map20	2089	II	TIR	NA	167	53
Btab-B-R446-Map20	467	II	MITE	MITE	345	136
Btab-B-R11012-Map14	3260	II	Unclassified	Academ	226	7
Btab-B-R2761-Map12	1096	II	TIR	NA	44	4
Btab-B-R4515-Map20	1330	II	TIR	NA	376	11
Btab-B-G10988-Map20	458	II	MITE	MITE	86	12
Btab-B-R10023-Map3	741	II	MITE	MITE	143	22
Btab-B-R8334-Map3	899	II	TIR	NA	45	15
Btab-B-R18422-Map4_reversed	1699	II	TIR	Tc1-Mariner	21	2
Btab-B-G4655-Map3	872	II	TIR	NA	16	2
Btab-B-G2283-Map20	905	II	MITE	MITE	115	33
Btab-B-R426-Map20	2002	II	MITE	MITE	144	28
Btab-B-R744-Map20	2286	II	TIR	NA	65	10
Btab-B-G1507-Map20	733	II	TIR	NA	24	6
Btab-B-G10150-Map3	405	II	MITE	MITE	943	59
Btab-B-G2476-Map20	704	II	MITE	MITE	76	18

Btab-B-R485-Map20	719	II	MITE	MITE	53	16
Btab-B-G2874-Map5	668	II	MITE	MITE	54	11
Btab-B-R10714-Map3	1181	II	Maverick	Maverick	1934	2
Btab-B-G976-Map20	577	II	MITE	MITE	1737	89
Btab-B-R17569-Map3	1001	II	TIR	Tc1-Mariner	39	4
Btab-B-G2163-Map20	850	II	MITE	MITE	40	19
Btab-B-R7154-Map5	3027	II	TIR	NA	139	2
Btab-B-G8300-Map20	1672	II	MITE	MITE	111	20
Btab-B-G1630-Map20	1025	II	MITE	MITE	78	27
Btab-B-G11428-Map9	437	II	MITE	MITE	63	12
Btab-B-G10835-Map3	366	II	MITE	MITE	22	5
Btab-B-G393-Map20	1004	II	MITE	MITE	65	9
Btab-B-G12579-Map11	463	II	MITE	MITE	102	22
Btab-B-R2974-Map20	816	II	MITE	MITE	33	5
Btab-B-G12478-Map3	460	II	MITE	MITE	229	50
Btab-B-G1288-Map4	602	II	MITE	MITE	75	10
Btab-B-G8846-Map15	2576	II	Unclassified	Academ	362	1
Btab-B-R238-Map15	1516	II	TIR	NA	278	7
Btab-B-G3910-Map12	660	II	MITE	MITE	14	3
Btab-B-R7917-Map13	1092	II	TIR	NA	70	7
Btab-B-G5897-Map3	1271	II	TIR	NA	32	3
Btab-B-R1419-Map20	710	II	MITE	MITE	94	7
Btab-B-G7210-Map20	1719	II	TIR	NA	69	3
Btab-B-G6028-Map20	1136	II	MITE	MITE	16	1
Btab-B-R13009-Map8	2144	II	TIR	hAT	151	3
Btab-B-G11841-Map6	473	II	MITE	MITE	54	12
Btab-B-R3661-Map13	875	II	TIR	NA	41	7
Btab-B-G3470-Map20	696	II	MITE	MITE	60	13
Btab-B-R454-Map20	1151	II	TIR	NA	133	67
Btab-B-R14528-Map3	1471	II	TIR	hAT	3	2
Btab-B-G10558-Map20	543	II	MITE	MITE	743	39
Btab-B-R11748-Map6	1473	II	MITE	MITE	54	1
Btab-B-R3937-Map10	2121	II	TIR	NA	322	1

Btab-B-G8554-Map19	1901	II	TIR	NA	94	19
Btab-B-G6038-Map11	942	II	TIR	NA	73	16
Btab-B-R6093-Map3	796	II	MITE	MITE	52	2
Btab-B-R2968-Map20	1292	II	TIR	NA	167	8
Btab-B-G429-Map20	1700	II	MITE	MITE	58	1
Btab-B-G10224-Map20	398	II	MITE	MITE	262	118
Btab-B-R3716-Map12	2231	II	TIR	<i>Mutator</i>	47	2
Btab-B-G10300-Map4	341	II	MITE	MITE	135	8
Btab-B-G9571-Map20	3692	II	TIR	NA	1112	25
Btab-B-G4515-Map11	728	II	MITE	MITE	34	9
Btab-B-G9184-Map3	2846	II	TIR	Tc1-Mariner	93	3
Btab-B-R7050-Map5_reversed	1195	II	TIR	<i>Mutator</i>	30	3
Btab-B-R12868-Map6	1328	II	TIR	NA	287	3
Btab-B-R4955-Map6	975	II	TIR	NA	34	1
Btab-B-G3233-Map4	782	II	TIR	NA	552	7
Btab-B-G5205-Map3	1209	II	MITE	MITE	218	59
Btab-B-G11834-Map4	500	II	MITE	MITE	147	5
Btab-B-R8188-Map5	2298	II	MITE	MITE	26	2
Btab-B-G8938-Map9	2065	II	TIR	NA	325	9
Btab-B-R202-Map5	903	II	TIR	NA	21	3
Btab-B-R74-Map20	426	II	MITE	MITE	88	2
Btab-B-R6242-Map10_reversed	1152	II	TIR	<i>Mutator</i>	45	1
Btab-B-G8418-Map13	1684	II	MITE	MITE	63	13
Btab-B-R8129-Map8	3121	II	Unclassified	Academ	711	3
Btab-B-G13328-Map3	473	II	MITE	MITE	88	16
Btab-B-G5829-Map20	1788	II	MITE	MITE	93	22
Btab-B-R4253-Map8	831	II	TIR	NA	21	2
Btab-B-G8296-Map4	2137	II	TIR	NA	40	4
Btab-B-G6491-Map9	959	II	TIR	NA	19	9
Btab-B-R3007-Map20	1556	II	TIR	NA	169	35
Btab-B-R9780-Map5_reversed	750	II	TIR	Tc1-Mariner	25	2
Btab-B-G10163-Map11	350	II	MITE	MITE	102	29
Btab-B-R1644-Map14	347	II	MITE	MITE	89	35

Btab-B-G10085-Map3	394	II	MITE	MITE	5	1
Btab-B-G7534-Map15	1768	II	TIR	NA	734	4
Btab-B-R2632-Map4	2917	II	TIR	NA	28	2
Btab-B-G2188-Map6	1115	II	MITE	MITE	920	17
Btab-B-R13872-Map3_reversed	2086	II	TIR	hAT	59	2
Btab-B-G3996-Map5	890	II	TIR	NA	112	18
Btab-B-G9308-Map3	2647	II	MITE	MITE	146	3
Btab-B-G7197-Map5	2341	II	MITE	MITE	41	1
Btab-B-G6494-Map20	1009	II	TIR	NA	78	29
Btab-B-G1614-Map20	899	II	TIR	NA	111	11
Btab-B-R3456-Map16	1659	II	MITE	MITE	90	5
Btab-B-G1433-Map3	736	II	TIR	Tc1-Mariner	161	4
Btab-B-R2911-Map10	876	II	TIR	NA	39	8
Btab-B-R130-Map20	715	II	MITE	MITE	63	8
Btab-B-R8495-Map5	1102	II	MITE	MITE	22	5
Btab-B-G5567-Map18	822	II	MITE	MITE	56	1
Btab-B-R6366-Map6	588	II	MITE	MITE	179	29
Btab-B-G5846-Map3	920	II	TIR	NA	477	3
Btab-B-G1802-Map3	617	II	MITE	MITE	14	4
Btab-B-R1510-Map20	383	II	MITE	MITE	119	62
Btab-B-G11468-Map3	384	II	MITE	MITE	10	4
Btab-B-G10895-Map3	435	II	MITE	MITE	360	35
Btab-B-G6303-Map5	975	II	TIR	NA	43	7
Btab-B-R10693-Map4_reversed	2579	II	Unclassified	Academ	21	2
Btab-B-R1969-Map3	767	II	MITE	MITE	827	5
Btab-B-G8314-Map3	1800	II	TIR	NA	50	4
Btab-B-R2259-Map5	2548	II	TIR	NA	170	2
Btab-B-R4562-Map9	1376	II	TIR	<i>Mutator</i>	32	2
Btab-B-G11339-Map3	387	II	MITE	MITE	14	3
Btab-B-R3740-Map3	1261	II	TIR	NA	167	3
Btab-B-R5946-Map7	2318	II	TIR	<i>Mutator</i>	60	3
Btab-B-G10799-Map20	396	II	MITE	MITE	120	39
Btab-B-G10645-Map3	402	II	MITE	MITE	232	65

Btab-B-G9825-Map16	16317	II	Maverick	Maverick	405	6
Btab-B-G10610-Map5	392	II	MITE	MITE	23	5
Btab-B-G22-Map20	1412	II	TIR	NA	106	1
Btab-B-R2332-Map4_reversed	2558	II	TIR	Tc1-Mariner	52	2
Btab-B-R1779-Map20	2377	II	TIR	NA	400	55
Btab-B-G9450-Map12	3318	II	TIR	Academ	477	13
Btab-B-R8862-Map3	1054	II	Maverick	Maverick	6	1
Btab-B-R10720-Map4	2083	II	Maverick	Maverick	22	3
Btab-B-G1338-Map4	970	II	MITE	MITE	50	27
Btab-B-R436-Map20	2519	II	MITE	MITE	93	2
Btab-B-R6359-Map5	3293	II	TIR	NA	66	2
Btab-B-G6145-Map3	1521	II	TIR	NA	88	18
Btab-B-R2360-Map11	902	II	TIR	NA	44	12
Btab-B-R556-Map20	1974	II	MITE	MITE	77	15
Btab-B-G3091-Map9	672	II	MITE	MITE	31	4
Btab-B-G9767-Map3	7497	II	Maverick	Maverick	188	1
Btab-B-R470-Map20	4638	II	TIR	NA	372	3
Btab-B-R1198-Map20	529	II	MITE	MITE	83	39
Btab-B-R10223-Map6	1169	II	TIR	NA	25	2
Btab-B-G2175-Map20	788	II	TIR	NA	80	14
Btab-B-G8928-Map20	2091	II	TIR	NA	119	32
Btab-B-G7463-Map4	1302	II	TIR	NA	13	4
Btab-B-G507-Map20	2621	II	TIR	Tc1-Mariner	114	3
Btab-B-R2608-Map17	980	II	TIR	NA	141	20
Btab-B-R8139-Map15	1063	II	MITE	MITE	57	7
Btab-B-G12406-Map4	474	II	MITE	MITE	85	5
Btab-B-G1935-Map4	759	II	TIR	NA	32	9
Btab-B-G9689-Map5	4561	II	TIR	NA	292	5
Btab-B-R2075-Map11	798	II	TIR	NA	30	7
Btab-B-R6136-Map7	1405	II	TIR	NA	168	6
Btab-B-G12161-Map6	414	II	MITE	MITE	17	7
Btab-B-G12543-Map17	449	II	MITE	MITE	47	11
Btab-B-G9004-Map20	3452	II	TIR	NA	292	15

Btab-B-G5767-Map5	866	II	TIR	NA	22	5
Btab-B-G8104-Map3	3413	II	Unclassified	Academ	182	1
Btab-B-R15499-Map3	532	II	TIR	hAT	17	3
Btab-B-R956-Map5	454	II	MITE	MITE	59	12
Btab-B-R635-Map20	336	II	MITE	MITE	281	57
Btab-B-G5086-Map4	1042	II	TIR	NA	31	5
Btab-B-R13466-Map3	727	II	Maverick	Maverick	11	1
Btab-B-G7480-Map3	1445	II	TIR	NA	38	7
Btab-B-G9396-Map4	2876	II	Unclassified	Academ	139	5
Btab-B-R9477-Map3	1340	II	Helitron	Helitron	12	2
Btab-B-R4276-Map8	3411	II	TIR	NA	81	2
Btab-B-R1951-Map3_reversed	2990	II	TIR	hAT	258	2
Btab-B-R19018-Map3	948	II	TIR	hAT	9	2
Btab-B-G136-Map10	1411	II	TIR	NA	62	1
Btab-B-R8645-Map17	895	II	TIR	NA	55	7
Btab-B-R13069-Map4	1352	II	TIR	CACTA	19	1
Btab-B-G6989-Map10	1159	II	TIR	NA	85	10
Btab-B-R666-Map20	2749	II	TIR	NA	160	4
Btab-B-G12046-Map20	546	II	MITE	MITE	25	8
Btab-B-R1745-Map8	953	II	TIR	NA	14	3
Btab-B-R6316-Map5	1121	II	MITE	MITE	18	4
Btab-B-R5-Map20	586	II	MITE	MITE	39	3
Btab-B-R103-Map20	1667	II	MITE	MITE	119	21
Btab-B-R8292-Map3_reversed	1119	II	Helitron	Helitron	12	2
Btab-B-G2532-Map20	870	II	TIR	NA	61	5
Btab-B-R8720-Map4	903	II	TIR	NA	26	1
Btab-B-G1095-Map3	600	II	MITE	MITE	35	3
Btab-B-G13181-Map5	478	II	MITE	MITE	16	6
Btab-B-R8285-Map3	381	II	MITE	MITE	53	14
Btab-B-R8375-Map4	1428	II	TIR	NA	19	4
Btab-B-G5412-Map5	1700	II	TIR	NA	99	2
Btab-B-G7870-Map3	1401	II	MITE	MITE	17	3
Btab-B-R2885-Map17	801	II	MITE	MITE	35	9

Btab-B-R978-Map20	1525	II	TIR	NA	183	13
Btab-B-G12890-Map5	480	II	MITE	MITE	13	3
Btab-B-G13133-Map3	480	II	MITE	MITE	42	6
Btab-B-G4442-Map3	694	II	TIR	hAT	10	3
Btab-B-G10311-Map3	479	II	MITE	MITE	56	6
Btab-B-G4007-Map7	652	II	MITE	MITE	67	6
Btab-B-R5526-Map20	7113	II	TIR	NA	1156	3
Btab-B-G6129-Map6	1526	II	TIR	NA	37	1
Btab-B-R1372-Map7	855	II	TIR	NA	74	30
Btab-B-R2111-Map20	1874	II	TIR	NA	45	5
Btab-B-R5047-Map3	1804	II	Unclassified	Academ	11	2
Btab-B-G2397-Map20	707	II	MITE	MITE	64	18
Btab-B-G690-Map20	673	II	MITE	MITE	450	8
Btab-B-G995-Map7	568	II	MITE	MITE	375	19
Btab-B-G3396-Map4	787	II	TIR	NA	738	6
Btab-B-R280-Map20	633	II	MITE	MITE	157	34
Btab-B-R5619-Map3_reversed	2257	II	TIR	<i>Mutator</i>	10	1
Btab-B-G7126-Map5	1331	II	TIR	NA	17	5
Btab-B-G8957-Map9	2184	II	TIR	NA	141	8
Btab-B-G1035-Map3	609	II	MITE	MITE	702	68
Btab-B-R1499-Map13	904	II	TIR	NA	81	48
Btab-B-R1182-Map20	570	II	MITE	MITE	87	12
Btab-B-G2750-Map20	1000	II	TIR	NA	126	23
Btab-B-G6266-Map20	1026	II	TIR	NA	128	1
Btab-B-R13366-Map4	950	II	MITE	MITE	104	25
Btab-B-G5529-Map6	831	II	TIR	NA	68	6
Btab-B-R2555-Map14	4142	II	TIR	NA	170	2
Btab-B-R134-Map20	884	II	MITE	MITE	25	9
Btab-B-R3135-Map8	1112	II	TIR	NA	245	3
Btab-B-R612-Map10	2654	II	TIR	Academ	66	4
Btab-B-G3596-Map3	956	II	TIR	NA	290	37
Btab-B-G11165-Map4	546	II	MITE	MITE	307	25
Btab-B-G11582-Map3	410	II	MITE	MITE	195	16

Btab-B-G1492-Map12	627	II	MITE	MITE	45	4
Btab-B-G8900-Map8	2008	II	TIR	NA	33	8
Btab-B-R6991-Map3	671	II	MITE	MITE	146	36
Btab-B-R95-Map20	1750	II	TIR	NA	64	4
Btab-B-R4371-Map10	2646	II	TIR	NA	28	3
Btab-B-R21615-Map4	236	II	MITE	MITE	437	120
Btab-B-G11076-Map7	491	II	MITE	MITE	888	78
Btab-B-R880-Map20	2519	II	TIR	NA	227	55
Btab-B-R8311-Map15	2038	II	MITE	MITE	34	6
Btab-B-R7873-Map5	1581	II	Unclassified	NA	31	2
Btab-B-R8015-Map3	796	II	TIR	NA	16	3
Btab-B-G12497-Map7	460	II	MITE	MITE	137	37
Btab-B-R2001-Map14	1766	II	TIR	hAT	48	3
Btab-B-R7128-Map3	1067	II	TIR	NA	30	2
Btab-B-R3166-Map16	1220	II	TIR	NA	93	10
Btab-B-G3571-Map11	900	II	Unclassified	Ginger	31	2
Btab-B-G9093-Map13	2305	II	TIR	NA	32	5
Btab-B-G9189-Map3	3116	II	TIR	NA	162	3
Btab-B-G8401-Map10	1716	II	TIR	NA	54	10
Btab-B-R3439-Map14	2262	II	TIR	NA	32	5
Btab-B-G3454-Map6	661	II	MITE	MITE	199	14
Btab-B-G5014-Map3	823	II	TIR	NA	276	4
Btab-B-G2358-Map20	864	II	TIR	NA	45	9
Btab-B-R7382-Map16	734	II	MITE	MITE	91	10
Btab-B-R2847-Map20	5578	II	TIR	NA	2087	3
Btab-B-R3108-Map10	720	II	MITE	MITE	25	6
Btab-B-G10119-Map15	392	II	MITE	MITE	102	44
Btab-B-R139-Map20	1454	II	TIR	NA	223	64
Btab-B-R2217-Map17	385	II	MITE	MITE	68	34
Btab-B-R3636-Map5	1149	II	TIR	NA	800	10
Btab-B-G8099-Map3	1609	II	TIR	NA	73	8
Btab-B-G1521-Map3	691	II	MITE	MITE	17	3
Btab-B-R2937-Map15	1864	II	TIR	NA	790	5

Btab-B-R98-Map20	1722	II	TIR	NA	378	4
Btab-B-R460-Map20	387	II	MITE	MITE	109	42
Btab-B-G3648-Map20	745	II	MITE	MITE	67	1
Btab-B-G3603-Map9	726	II	MITE	MITE	12	4
Btab-B-R4996-Map3	836	II	TIR	<i>Mutator</i>	9	2
Btab-B-G9621-Map3	3951	II	TIR	NA	286	2
Btab-B-G6590-Map20	1153	II	TIR	NA	363	15
Btab-B-G10566-Map20	471	II	MITE	MITE	77	31
Btab-B-G11117-Map8	416	II	MITE	MITE	14	7
Btab-B-R190-Map20	1461	II	TIR	NA	155	52
Btab-B-R16003-Map3	887	II	Unclassified	Ginger	29	1
Btab-B-R13135-Map5	852	II	TIR	NA	32	3
Btab-B-G8993-Map3	2709	II	TIR	NA	41	3
Btab-B-G1509-Map14	623	II	MITE	MITE	82	7
Btab-B-G7828-Map3	1642	II	MITE	MITE	34	2
Btab-B-R4298-Map11	1796	II	TIR	NA	60	4
Btab-B-G2599-Map3	775	II	TIR	NA	24	1
Btab-B-R4316-Map7	2794	II	Helitron	Helitron	130	1
Btab-B-R5276-Map3_reversed	1824	II	TIR	PiggyBac	30	2
Btab-B-G8863-Map5	1980	II	MITE	MITE	130	4
Btab-B-R11589-Map3	2118	II	Crypton	Crypton	8	2
Btab-B-G8929-Map20	2438	II	TIR	NA	129	23
Btab-B-R2225-Map17	1517	II	TIR	NA	301	10
Btab-B-R974-Map20	4731	II	TIR	NA	516	6
Btab-B-R1146-Map20	2372	II	MITE	MITE	234	8
Btab-B-G4284-Map20	867	II	MITE	MITE	92	1
Btab-B-R9364-Map15	2404	II	TIR	NA	92	5
Btab-B-G1129-Map8	595	II	MITE	MITE	898	124
Btab-B-R14972-Map14	4456	II	TIR	NA	109	2
Btab-B-G5116-Map15	781	II	TIR	<i>Mutator</i>	28	13
Btab-B-G10103-Map3	509	II	MITE	MITE	33	8
Btab-B-G10800-Map4	372	II	MITE	MITE	43	10
Btab-B-G11980-Map3	432	II	MITE	MITE	63	5

Btab-B-R3914-Map3	630	II	MITE	MITE	663	2
Btab-B-G8383-Map6	1661	II	MITE	MITE	96	6
Btab-B-R976-Map12	1750	II	TIR	NA	24	5
Btab-B-G8998-Map13	2168	II	TIR	NA	64	12
Btab-B-R8072-Map3	1707	II	TIR	P	7	1
Btab-B-G3204-Map3	594	II	MITE	MITE	127	11
Btab-B-R9531-Map16	1712	II	TIR	NA	179	6
Btab-B-R16913-Map4	891	II	TIR	NA	65	3
Btab-B-G6207-Map3	1522	II	MITE	MITE	11	2
Btab-B-R458-Map20	1176	II	MITE	MITE	106	11
Btab-B-R13127-Map4	1210	II	TIR	NA	12	3
Btab-B-R4143-Map17	786	II	TIR	NA	23	3
Btab-B-R1801-Map12	424	II	MITE	MITE	122	51
Btab-B-R903-Map20	1398	II	MITE	MITE	501	145
Btab-B-R448-Map20	1398	II	MITE	MITE	72	12
Btab-B-R40-Map19	439	II	MITE	MITE	34	14
Btab-B-G1055-Map20	1032	II	TIR	NA	252	14
Btab-B-R10045-Map3_reversed	1254	II	Unclassified	NA	8	2
Btab-B-R4300-Map5	797	II	TIR	NA	28	7
Btab-B-G124-Map20	1521	II	MITE	MITE	116	1
Btab-B-G4632-Map19	934	II	TIR	NA	243	2
Btab-B-G5140-Map15	1001	II	TIR	NA	76	15
Btab-B-R5795-Map3	616	II	TIR	<i>Mutator</i>	11	1
Btab-B-R9532-Map4_reversed	1076	II	TIR	<i>Mutator</i>	55	2
Btab-B-R2605-Map20	1912	II	TIR	NA	82	15
Btab-B-G2303-Map12	808	II	TIR	NA	148	17
Btab-B-R418-Map10	1160	II	TIR	NA	143	3
Btab-B-R183-Map11	815	II	TIR	NA	28	5
Btab-B-G7595-Map4	1393	II	Maverick	Maverick	21	1
Btab-B-G11210-Map11	392	II	MITE	MITE	69	7
Btab-B-R5064-Map5	750	II	TIR	NA	507	7
Btab-B-R12921-Map4	1420	II	Unclassified	Academ	35	1
Btab-B-G6531-Map17	1222	II	TIR	NA	475	12

Btab-B-G4574-Map11	753	II	TIR	NA	11	3
Btab-B-R797-Map20	1983	II	TIR	NA	1035	10
Btab-B-G7719-Map14	1547	II	TIR	NA	155	16
Btab-B-R768-Map10_reversed	7430	II	Maverick	Maverick	66	2
Btab-B-R5573-Map5	760	II	MITE	MITE	29	2
Btab-B-G2116-Map6	593	II	MITE	MITE	22	5
Btab-B-R4565-Map20	2935	II	TIR	NA	63	16
Btab-B-R220-Map20	1007	II	TIR	NA	201	11
Btab-B-R295-Map20	753	II	MITE	MITE	128	31
Btab-B-G11611-Map5	380	II	MITE	MITE	43	5
Btab-B-G8522-Map4	1779	II	TIR	NA	18	4
Btab-B-G6248-Map10	1664	II	TIR	NA	10	1
Btab-B-R340-Map20	1056	II	MITE	MITE	361	55
Btab-B-R13441-Map4	422	II	MITE	MITE	89	6
Btab-B-R600-Map20	1279	II	TIR	NA	143	44
Btab-B-R3543-Map3	798	II	TIR	<i>Mutator</i>	13	2
Btab-B-G1000-Map16	803	II	MITE	MITE	6	1
Btab-B-R13479-Map14_reversed	9781	II	Unclassified	Sola	685	1
Btab-B-G12119-Map7	487	II	MITE	MITE	662	23
Btab-B-R473-Map17	954	II	TIR	NA	125	35
Btab-B-G816-Map20	639	II	MITE	MITE	391	105
Btab-B-R6441-Map10	958	II	TIR	NA	33	9
Btab-B-R2349-Map6	1017	II	TIR	Tc1-Mariner	23	4
Btab-B-R9163-Map3_reversed	1254	II	TIR	<i>Mutator</i>	20	1
Btab-B-G8730-Map3	2074	II	TIR	NA	304	3
Btab-B-R4537-Map8	925	II	MITE	MITE	498	14
Btab-B-R20377-Map3	932	II	TIR	NA	12	2
Btab-B-G3411-Map3	904	II	TIR	NA	66	22
Btab-B-G4371-Map7	721	II	MITE	MITE	39	9
Btab-B-R11493-Map3	813	II	TIR	NA	88	6
Btab-B-R3319-Map3	1210	II	TIR	NA	5	2
Btab-B-R4282-Map12	2517	II	Helitron	Helitron	59	2
Btab-B-R4124-Map15	2663	II	TIR	NA	38	8

Btab-B-G8680-Map4	2202	II	MITE	MITE	96	9
Btab-B-G12-Map20	2075	II	MITE	MITE	72	18
Btab-B-R14556-Map5	937	II	TIR	NA	92	2
Btab-B-G4206-Map5	859	II	TIR	NA	155	16
Btab-B-G5383-Map3	1051	II	TIR	NA	83	2
Btab-B-G9285-Map3	2817	II	MITE	MITE	66	5
Btab-B-R1386-Map20	2351	II	TIR	NA	192	2
Btab-B-G2786-Map4_reversed	827	II	TIR	Tc1-Mariner	5	1
Btab-B-R7148-Map12	2764	II	TIR	NA	623	2
Btab-B-G6162-Map15	994	II	TIR	NA	56	7
Btab-B-G12312-Map20	526	II	MITE	MITE	160	40
Btab-B-G3464-Map20	877	II	TIR	NA	64	17
Btab-B-R1768-Map16	2044	II	TIR	NA	54	2
Btab-B-G11466-Map12	388	II	MITE	MITE	101	30
Btab-B-R5971-Map13	2820	II	Unclassified	Sola	80	1
Btab-B-G9063-Map14	2092	II	MITE	MITE	239	14
Btab-B-G3812-Map17	802	II	TIR	Tc1-Mariner	19	2
Btab-B-R13868-Map3	1391	II	TIR	<i>PIF-Harbinger</i>	6	1
Btab-B-G4330-Map20	964	II	TIR	NA	39	8
Btab-B-R39-Map20	1032	II	TIR	NA	160	4
Btab-B-G3541-Map3	894	II	TIR	NA	87	27
Btab-B-R582-Map20	1723	II	MITE	MITE	112	5
Btab-B-G6759-Map5	1588	II	TIR	NA	90	13
Btab-B-R2249-Map3	678	II	MITE	MITE	26	3
Btab-B-R5701-Map4	617	II	MITE	MITE	17	7
Btab-B-G9330-Map16	3383	II	TIR	NA	134	14
Btab-B-G2461-Map3	818	II	TIR	NA	15	2
Btab-B-G3259-Map7	748	II	MITE	MITE	35	9
Btab-B-R6994-Map6	1005	II	TIR	Tc1-Mariner	56	3
Btab-B-G9818-Map10	9329	II	TIR	NA	1840	6
Btab-B-G2479-Map3	802	II	MITE	MITE	17	2
Btab-B-G10842-Map3	506	II	MITE	MITE	1334	99
Btab-B-R975-Map20	1264	II	MITE	MITE	390	59

Btab-B-G8000-Map12	1452	II	TIR	NA	1018	12
Btab-B-G7852-Map13	1482	II	MITE	MITE	51	13
Btab-B-G10932-Map15	396	II	MITE	MITE	77	20
Btab-B-R13062-Map5	3834	II	TIR	NA	61	1
Btab-B-G640-Map20	616	II	MITE	MITE	397	45
Btab-B-G3793-Map6	901	II	TIR	NA	27	5
Btab-B-G9590-Map3	3829	II	TIR	NA	90	3
Btab-B-R1158-Map5	646	II	TIR	<i>Mutator</i>	24	2
Btab-B-G307-Map20	2062	II	TIR	Tc1-Mariner	83	1
Btab-B-R540-Map20	2785	II	TIR	NA	67	10
Btab-B-G4556-Map6	781	II	MITE	MITE	19	9
Btab-B-R2121-Map19	853	II	TIR	NA	42	9
Btab-B-R224-Map12	1106	II	TIR	<i>Mutator</i>	112	1
Btab-B-R3805-Map3	552	II	MITE	MITE	231	11
Btab-B-R225-Map20	601	II	MITE	MITE	24	6
Btab-B-G2795-Map20	1101	II	MITE	MITE	144	33
Btab-B-G1545-Map20	760	II	TIR	NA	40	10
Btab-B-R1893-Map7	1690	II	MITE	MITE	70	3
Btab-B-R2760-Map20	507	II	MITE	MITE	168	40
Btab-B-R8621-Map5	1199	II	MITE	MITE	61	11
Btab-B-R2067-Map14	1566	II	TIR	NA	136	4
Btab-B-R15580-Map3	825	II	TIR	NA	14	3
Btab-B-R6385-Map19	2747	II	TIR	NA	59	1
Btab-B-R4577-Map6	958	II	TIR	NA	37	3
Btab-B-G3099-Map4	816	II	TIR	NA	11	2
Btab-B-G12247-Map5	416	II	MITE	MITE	25	11
Btab-B-R3316-Map10	4404	II	TIR	NA	1090	4
Btab-B-R3228-Map19	753	II	MITE	MITE	813	9
Btab-B-R12694-Map3	1205	II	TIR	<i>CACTA</i>	11	2
Btab-B-G12584-Map8	429	II	MITE	MITE	29	11
Btab-B-R9070-Map3	995	II	Unclassified	Ginger	115	2
Btab-B-R592-Map3	517	II	TIR	hAT	7	3
Btab-B-R1840-Map11	924	II	TIR	NA	35	6

Btab-B-G12896-Map11	464	II	MITE	MITE	136	34
Btab-B-G7741-Map4	1304	II	MITE	MITE	593	4
Btab-B-G9006-Map3	2254	II	TIR	NA	24	2
Btab-B-R8719-Map4	1047	II	TIR	NA	66	1
Btab-B-R21775-Map13	123	II	MITE	MITE	198	8
Btab-B-G11703-Map11	399	II	MITE	MITE	28	11
Btab-B-R9823-Map5	3453	II	Helitron	Helitron	55	1
Btab-B-G10571-Map5	390	II	MITE	MITE	118	27
Btab-B-G8943-Map3	2146	II	TIR	NA	104	4
Btab-B-G8658-Map4	2773	II	TIR	hAT	69	6
Btab-B-G4182-Map11	813	II	TIR	NA	39	13
Btab-B-R15550-Map3	764	II	MITE	MITE	14	2
Btab-B-R8866-Map3	1148	II	TIR	NA	151	3
Btab-B-G8238-Map10	2234	II	TIR	NA	71	10
Btab-B-R1180-Map20	993	II	MITE	MITE	286	6
Btab-B-G5868-Map5	1051	II	TIR	<i>Mutator</i>	19	4
Btab-B-G10998-Map20	398	II	MITE	MITE	56	20
Btab-B-G7230-Map6	1547	II	TIR	NA	130	12
Btab-B-R4663-Map20	3050	II	TIR	Academ	78	5
Btab-B-G9886-Map3	369	II	MITE	MITE	9	1
Btab-B-R21959-Map3	145	II	MITE	MITE	18	2
Btab-B-G10601-Map20	450	II	MITE	MITE	465	98
Btab-B-R1656-Map4	657	II	MITE	MITE	14	2
Btab-B-R1845-Map20	1134	II	TIR	NA	341	22
Btab-B-G11604-Map7	430	II	MITE	MITE	591	72
Btab-B-G7121-Map15	1722	II	TIR	NA	101	1
Btab-B-G3982-Map20	1058	II	MITE	MITE	173	36
Btab-B-R4269-Map20	2454	II	TIR	NA	111	29
Btab-B-G626-Map20	1011	II	TIR	NA	143	8
Btab-B-R2539-Map5	844	II	TIR	NA	32	4
Btab-B-G5546-Map12	1025	II	TIR	Tc1-Mariner	88	19
Btab-B-G2432-Map7	793	II	TIR	NA	69	31
Btab-B-G4496-Map11	1154	II	TIR	NA	70	4

Btab-B-R1155-Map20	1805	II	TIR	NA	51	4
Btab-B-G8849-Map20	1998	II	TIR	NA	174	24
Btab-B-R13360-Map5	1196	II	MITE	MITE	30	4
Btab-B-R8865-Map5	761	II	TIR	NA	21	6
Btab-B-G2159-Map3	689	II	MITE	MITE	16	3
Btab-B-G11151-Map7	404	II	MITE	MITE	96	18
Btab-B-G12025-Map5	450	II	MITE	MITE	70	8
Btab-B-R2208-Map17	392	II	MITE	MITE	27	13
Btab-B-R16-Map20	643	II	MITE	MITE	240	2
Btab-B-G4642-Map3	761	II	Unclassified	Ginger	40	3
Btab-B-G6104-Map5	916	II	TIR	NA	126	4
Btab-B-G8689-Map13	1901	II	TIR	NA	63	14
Btab-B-G4913-Map20	881	II	MITE	MITE	55	2
Btab-B-G4341-Map3	939	II	MITE	MITE	285	3
Btab-B-G4437-Map4	875	II	MITE	MITE	121	3
Btab-B-R3048-Map20	2507	II	TIR	NA	115	6
Btab-B-G8765-Map3	1970	II	TIR	NA	17	4
Btab-B-R868-Map20	440	II	MITE	MITE	62	22
Btab-B-G2774-Map20	810	II	TIR	NA	75	35
Btab-B-R7723-Map7	1942	II	TIR	NA	36	7
Btab-B-G12608-Map20	451	II	MITE	MITE	58	24
Btab-B-G5488-Map4	964	II	TIR	NA	31	6
Btab-B-G11337-Map3	395	II	MITE	MITE	33	2
Btab-B-G9-Map4	2001	II	TIR	NA	65	7
Btab-B-G567-Map3	2819	II	Unclassified	Academ	187	1
Btab-B-R462-Map20	660	II	MITE	MITE	46	24
Btab-B-R11184-Map7	952	II	TIR	NA	14	6
Btab-B-R4273-Map18	2081	II	TIR	NA	38	11
Btab-B-R3238-Map7	1957	II	TIR	NA	45	2
Btab-B-G6737-Map20	1166	II	TIR	NA	71	23
Btab-B-R6262-Map20	4638	II	TIR	NA	433	2
Btab-B-R87-Map20	617	II	MITE	MITE	99	2
Btab-B-R19627-Map15	2727	II	TIR	NA	28	2

Btab-B-R9744-Map3	494	II	NA	NA	9	2
Btab-B-R9355-Map5	2219	II	TIR	hAT	27	2
Btab-B-G5896-Map4	877	II	TIR	NA	21	4
Btab-B-G5183-Map5	915	II	TIR	NA	88	5
Btab-B-G5150-Map3	1141	II	TIR	NA	51	9
Btab-B-G1938-Map20	884	II	TIR	NA	25	4
Btab-B-R8473-Map10	1764	II	TIR	NA	46	5
Btab-B-G142-Map20	4631	II	TIR	NA	1335	15
Btab-B-G9138-Map10	2313	II	MITE	MITE	89	10
Btab-B-G1973-Map20	623	II	MITE	MITE	121	3
Btab-B-G10489-Map5	481	II	MITE	MITE	642	22
Btab-B-R382-Map20	1736	II	TIR	NA	171	23
Btab-B-R147-Map20	468	II	MITE	MITE	91	2
Btab-B-R13364-Map3	546	II	MITE	MITE	36	4
Btab-B-R1233-Map10	1582	II	TIR	Sola	36	4
Btab-B-R170-Map20	525	II	MITE	MITE	49	10
Btab-B-G10421-Map5	384	II	MITE	MITE	27	6
Btab-B-R4283-Map20	2131	II	TIR	NA	60	7
Btab-B-R5984-Map6	2928	II	TIR	NA	26	4
Btab-B-G2054-Map8	602	II	MITE	MITE	122	26
Btab-B-R104-Map20	916	II	TIR	NA	171	8
Btab-B-R2189-Map3	1121	II	TIR	hAT	167	1
Btab-B-R8695-Map5	4259	II	TIR	CACTA	36	2
Btab-B-G7673-Map20	1406	II	TIR	NA	151	38
Btab-B-G8028-Map8	1605	II	MITE	MITE	51	8
Btab-B-G8368-Map8	1775	II	TIR	NA	589	10
Btab-B-G9936-Map3	388	II	MITE	MITE	16	6
Btab-B-R2910-Map11	1314	II	TIR	hAT	22	2
Btab-B-R1553-Map20	382	II	MITE	MITE	118	34
Btab-B-G4683-Map20	1002	II	TIR	NA	147	28
Btab-B-R4507-Map4	486	II	TIR	CACTA	21	1
Btab-B-R14858-Map5	1815	II	TIR	NA	16	2
Btab-B-G4422-Map7	682	II	MITE	MITE	56	7

Btab-B-R12200-Map5	425	II	MITE	MITE	34	5
Btab-B-R7725-Map20	1602	II	TIR	NA	170	18
Btab-B-R13956-Map3	1416	II	Unclassified	Academ	32	1
Btab-B-R844-Map20	2207	II	TIR	NA	81	23
Btab-B-G3182-Map3	707	II	MITE	MITE	356	10
Btab-B-G2546-Map20	777	II	TIR	NA	37	12
Btab-B-G6892-Map20_reversed	1248	II	TIR	Tc1-Mariner	43	4
Btab-B-G12613-Map3	518	II	MITE	MITE	889	63
Btab-B-R7111-Map5	3006	II	TIR	<i>Mutator</i>	61	1
Btab-B-G5976-Map3	1197	II	TIR	NA	23	3
Btab-B-R4149-Map14	1552	II	TIR	NA	750	4
Btab-B-R2659-Map5	1861	II	TIR	NA	566	1
Btab-B-G13534-Map4	516	II	MITE	MITE	35	13
Btab-B-R2257-Map3	1191	II	TIR	hAT	24	1
Btab-B-G13113-Map20	543	II	MITE	MITE	43	17
Btab-B-R12734-Map5	451	II	MITE	MITE	64	18
Btab-B-G5457-Map8	793	II	TIR	NA	28	4
Btab-B-R228-Map20	1060	II	MITE	MITE	232	102
Btab-B-R3497-Map4	1556	II	TIR	NA	85	4
Btab-B-G5860-Map4	870	II	TIR	<i>Mutator</i>	265	7
Btab-B-G6729-Map4	1498	II	TIR	NA	78	5
Btab-B-G1946-Map9	762	II	MITE	MITE	94	7
Btab-B-G4602-Map20	991	II	TIR	Tc1-Mariner	108	30
Btab-B-R5096-Map18	1086	II	TIR	NA	72	6
Btab-B-G8781-Map20	2177	II	TIR	NA	98	22
Btab-B-R789-Map19	895	II	TIR	NA	72	9
Btab-B-R270-Map20	1012	II	TIR	NA	96	7
Btab-B-R9868-Map4	635	II	MITE	MITE	244	140
Btab-B-G9993-Map6	411	II	MITE	MITE	16	3
Btab-B-G8137-Map5	2791	II	TIR	NA	372	3
Btab-B-R5558-Map3	858	II	TIR	NA	50	2
Btab-B-R9323-Map13	1960	II	MITE	MITE	115	6
Btab-B-R8307-Map4_reversed	5045	II	Unclassified	Academ	40	2

Btab-B-R24992-Map4	1597	II	Maverick	Maverick	9	3
Btab-B-R3473-Map18	3132	II	TIR	Academ	124	1
Btab-B-R6098-Map5	729	II	MITE	MITE	7	3
Btab-B-G2773-Map17	771	II	MITE	MITE	62	9
Btab-B-R6266-Map5_reversed	1082	II	TIR	hAT	17	1
Btab-B-R2135-Map20	657	II	MITE	MITE	289	4
Btab-B-R3993-Map20	994	II	TIR	NA	72	32
Btab-B-R10123-Map3	998	II	TIR	P	9	1
Btab-B-R7744-Map16	979	II	TIR	NA	38	16
Btab-B-G4322-Map9	1040	II	MITE	MITE	124	10
Btab-B-R4127-Map5	866	II	Maverick	Maverick	22	2
Btab-B-R4861-Map4	586	II	MITE	MITE	25	2
Btab-B-G11459-Map3	417	II	MITE	MITE	14	4
Btab-B-G9339-Map13	2632	II	TIR	hAT	184	13
Btab-B-R9321-Map10	980	II	TIR	NA	22	6
Btab-B-G6662-Map6	1551	II	TIR	NA	85	10
Btab-B-R10059-Map5	2475	II	TIR	Academ	44	3
Btab-B-R4664-Map9	2439	II	TIR	hAT	41	5
Btab-B-R15271-Map3_reversed	837	II	Unclassified	NA	29	3
Btab-B-G13527-Map8	515	II	MITE	MITE	121	9
Btab-B-R19629-Map3	1683	II	Unclassified	Academ	19	1
Btab-B-G9968-Map3	368	II	MITE	MITE	113	30
Btab-B-G608-Map20_reversed	3610	II	TIR	Academ	22	4
Btab-B-R2826-Map20	2255	II	TIR	NA	147	9
Btab-B-R2519-Map16	1630	II	TIR	NA	35	6
Btab-B-R5447-Map10	1524	II	TIR	NA	140	3
Btab-B-G4242-Map3	677	II	MITE	MITE	13	3
Btab-B-G3353-Map5	860	II	TIR	NA	30	4
Btab-B-G2918-Map3	786	II	MITE	MITE	52	6
Btab-B-R15578-Map4	1872	II	TIR	NA	49	2
Btab-B-G8291-Map7	1847	II	TIR	NA	35	7
Btab-B-G9758-Map3	5407	II	TIR	Tc1-Mariner	345	3
Btab-B-G8396-Map3	1681	II	TIR	hAT	38	3

Btab-B-G8378-Map5	1798	II	TIR	NA	63	10
Btab-B-G620-Map20	983	II	TIR	NA	131	29
Btab-B-G1738-Map5	674	II	MITE	MITE	51	1
Btab-B-R506-Map4_reversed	2564	II	TIR	PiggyBac	87	2
Btab-B-R555-Map20	2336	II	TIR	NA	18	2
Btab-B-G3135-Map20	796	II	TIR	NA	103	52
Btab-B-G3960-Map20	1113	II	TIR	Tc1-Mariner	237	4
Btab-B-G779-Map10	845	II	MITE	MITE	872	1
Btab-B-G2090-Map4	707	II	MITE	MITE	428	10
Btab-B-G2833-Map15	785	II	TIR	NA	1272	46
Btab-B-G11090-Map11	383	II	MITE	MITE	24	6
Btab-B-R1105-Map6	1383	II	TIR	NA	159	2
Btab-B-G6163-Map20	1074	II	TIR	NA	216	12
Btab-B-R2934-Map6	2638	II	TIR	NA	82	3
Btab-B-G12764-Map5	449	II	MITE	MITE	35	6
Btab-B-R2372-Map20	2693	II	TIR	hAT	135	1
Btab-B-R25-Map20	1528	II	MITE	MITE	408	2
Btab-B-R4958-Map4	790	II	TIR	NA	124	5
Btab-B-G6427-Map20	1385	II	MITE	MITE	283	24
Btab-B-G3242-Map3	875	II	MITE	MITE	554	21
Btab-B-G9460-Map13	3112	II	TIR	hAT	1491	12
Btab-B-G7674-Map20	1410	II	Helitron	Helitron	70	3
Btab-B-R17610-Map3_reversed	1384	II	Helitron	Helitron	13	1
Btab-B-R440-Map20	844	II	TIR	NA	55	13
Btab-B-G4846-Map3	857	II	TIR	NA	31	4
Btab-B-G622-Map20	1177	II	TIR	NA	775	22
Btab-B-R55-Map6	1344	II	TIR	Ginger	39	4
Btab-B-R16303-Map4_reversed	5103	II	TIR	NA	2696	1
Btab-B-G12087-Map4	555	II	MITE	MITE	110	3
Btab-B-G2431-Map4	818	II	TIR	NA	27	4
Btab-B-G9841-Map20	521	II	MITE	MITE	135	5
Btab-B-G2873-Map6_reversed	832	II	TIR	<i>Mutator</i>	37	3
Btab-B-R16094-Map3_reversed	591	II	Unclassified	NA	14	1

Btab-B-G3755-Map3_reversed	939	II	TIR	Tc1-Mariner	122	6
Btab-B-G8931-Map5	2020	II	TIR	<i>Mutator</i>	25	5
Btab-B-G5289-Map16	903	II	MITE	MITE	100	28
Btab-B-R10105-Map3	952	II	Unclassified	Ginger	36	2
Btab-B-R3609-Map16	1246	II	TIR	Ginger	52	4
Btab-B-R7608-Map4_reversed	4467	II	Maverick	Maverick	14	2
Btab-B-G9310-Map6	3663	II	TIR	NA	46	2
Btab-B-G11503-Map8	397	II	MITE	MITE	173	8
Btab-B-R12984-Map12	1092	II	TIR	NA	23	2
Btab-B-R11461-Map3	747	II	MITE	MITE	17	3
Btab-B-G6327-Map8	1016	II	TIR	NA	40	8
Btab-B-G302-Map20	1010	II	MITE	MITE	100	7
Btab-B-G12369-Map8	422	II	MITE	MITE	12	7
Btab-B-G9342-Map15	2827	II	TIR	NA	175	15
Btab-B-G4500-Map12	963	II	TIR	NA	90	11
Btab-B-G11612-Map4	381	II	MITE	MITE	10	6
Btab-B-G6983-Map8	1309	II	TIR	NA	49	8
Btab-B-G6182-Map13	1026	II	TIR	Tc1-Mariner	77	11
Btab-B-R1905-Map20_reversed	3073	II	Unclassified	Academ	44	6
Btab-B-R6987-Map20	2512	II	TIR	hAT	175	5
Btab-B-R3580-Map20	3330	II	TIR	NA	258	18
Btab-B-G3796-Map3	757	II	TIR	NA	345	9
Btab-B-G2460-Map3	756	II	TIR	NA	10	3
Btab-B-R3901-Map3	876	II	TIR	NA	54	2
Btab-B-R7742-Map16	1326	II	TIR	NA	103	5
Btab-B-G2654-Map3	803	II	TIR	NA	16	4
Btab-B-G9625-Map4	3947	II	TIR	hAT	45	4
Btab-B-G7712-Map4	1360	II	TIR	NA	288	4
Btab-B-G10095-Map20	348	II	MITE	MITE	172	102
Btab-B-G10327-Map20	454	II	MITE	MITE	120	13
Btab-B-G9370-Map9	2838	II	MITE	MITE	38	8
Btab-B-R6264-Map16	395	II	MITE	MITE	20	6
Btab-B-R21854-Map11	127	II	MITE	MITE	109	32

Btab-B-G4418-Map19	1030	II	MITE	MITE	27	7
Btab-B-G10790-Map4	444	II	MITE	MITE	31	4
Btab-B-G2170-Map20	873	II	MITE	MITE	47	12
Btab-B-R241-Map12	1089	II	TIR	NA	56	2
Btab-B-G9137-Map7	2399	II	MITE	MITE	178	8
Btab-B-G296-Map20	1744	II	MITE	MITE	67	6
Btab-B-R664-Map20	1645	II	TIR	NA	83	28
Btab-B-R449-Map20	1232	II	TIR	NA	56	2
Btab-B-R210-Map20	890	II	TIR	NA	81	10
Btab-B-R9157-Map3	1166	II	MITE	MITE	55	1
Btab-B-G4686-Map20	731	II	MITE	MITE	31	9
Btab-B-R3031-Map4_reversed	583	II	TIR	<i>Mutator</i>	18	1
Btab-B-G13860-Map20	568	II	MITE	MITE	234	86
Btab-B-G7849-Map20	1458	II	TIR	NA	127	25
Btab-B-R9781-Map4	672	II	TIR	Tc1-Mariner	22	2
Btab-B-R4985-Map20	3718	II	TIR	Tc1-Mariner	50	2
Btab-B-R6039-Map13	892	II	TIR	NA	47	11
Btab-B-R10752-Map5	4909	II	Maverick	Maverick	20	2
Btab-B-R14936-Map3	1082	II	Unclassified	Sola	11	2
Btab-B-G2304-Map11	798	II	TIR	NA	21	5
Btab-B-R2258-Map5	1151	II	TIR	hAT	29	2
Btab-B-G8988-Map5	2091	II	MITE	MITE	33	1
Btab-B-R596-Map20	2975	II	TIR	NA	154	48
Btab-B-R13910-Map3_reversed	1629	II	Unclassified	NA	23	1
Btab-B-R4318-Map14	1852	II	MITE	MITE	16	1
Btab-B-G6783-Map3	1353	II	Unclassified	Academ	6	1
Btab-B-G7820-Map15	1425	II	MITE	MITE	64	16
Btab-B-R5529-Map11_reversed	1823	II	TIR	<i>Mutator</i>	33	2
Btab-B-G11932-Map20	476	II	MITE	MITE	57	1
Btab-B-R11754-Map3	837	II	TIR	NA	5	1
Btab-B-R4186-Map9	923	II	TIR	NA	42	12
Btab-B-R3916-Map4	1825	II	TIR	NA	12	2
Btab-B-G2351-Map3	715	II	TIR	<i>Mutator</i>	22	3

Btab-B-R4715-Map20	819	II	TIR	NA	149	7
Btab-B-G9211-Map5	3414	II	TIR	NA	319	1
Btab-B-R1903-Map20	6270	II	TIR	NA	637	7
Btab-B-R7198-Map6	664	II	TIR	Tc1-Mariner	29	5
Btab-B-G564-Map3	820	II	TIR	NA	411	2
Btab-B-G8734-Map5	2163	II	TIR	NA	153	8
Btab-B-R4712-Map8_reversed	1431	II	TIR	<i>Mutator</i>	17	1
Btab-B-G2885-Map13	566	II	MITE	MITE	188	21
Btab-B-R7070-Map3	2032	II	MITE	MITE	44	2
Btab-B-R12910-Map10	511	II	MITE	MITE	26	7
Btab-B-R240-Map20	1002	II	MITE	MITE	35	5
Btab-B-R11735-Map3_reversed	5071	II	Unclassified	Academ	57	2
Btab-B-G9515-Map14	3333	II	TIR	NA	458	14
Btab-B-G151-Map20	1374	II	MITE	MITE	130	50
Btab-B-G2355-Map10	616	II	MITE	MITE	51	2
Btab-B-G3729-Map6	698	II	MITE	MITE	51	2
Btab-B-R20625-Map3	2572	II	Maverick	Maverick	11	1
Btab-B-G3292-Map3	673	II	MITE	MITE	21	3
Btab-B-R285-Map20	566	II	MITE	MITE	21	10
Btab-B-G11065-Map10	562	II	MITE	MITE	463	25
Btab-B-R1457-Map20	1423	II	MITE	MITE	51	11
Btab-B-G3828-Map6	692	II	MITE	MITE	13	1
Btab-B-R6127-Map4	1265	II	TIR	NA	46	10
Btab-B-R478-Map20	436	II	MITE	MITE	115	32
Btab-B-G4485-Map8	690	II	MITE	MITE	12	9
Btab-B-R898-Map3	1184	II	TIR	NA	139	4
Btab-B-G898-Map4	589	II	MITE	MITE	67	1
Btab-B-R1562-Map13	1547	II	MITE	MITE	320	1
Btab-B-G7700-Map7	1485	II	TIR	NA	141	6
Btab-B-R7014-Map3	1990	II	TIR	NA	8	2
Btab-B-R7390-Map5	4158	II	Helitron	Helitron	133	2
Btab-B-R5548-Map7	386	II	MITE	MITE	22	8
Btab-B-R5965-Map3	913	II	Unclassified	Sola	371	1

Btab-B-G7554-Map11	1416	II	TIR	NA	25	1
Btab-B-G9296-Map3	4584	II	TIR	NA	110	2
Btab-B-G1289-Map20	702	II	MITE	MITE	92	2
Btab-B-R13384-Map3	1142	II	Unclassified	Academ	15	1
Btab-B-R16411-Map5	1201	II	MITE	MITE	145	4
Btab-B-R16791-Map4	1516	II	TIR	NA	13	2
Btab-B-R22200-Map3	127	II	MITE	MITE	4	0
Btab-B-G6422-Map3	1125	II	TIR	NA	712	2
Btab-B-R9956-Map11	5850	II	TIR	P	36	2
Btab-B-G594-Map20	2157	II	MITE	MITE	222	1
Btab-B-R6146-Map11	4953	II	TIR	NA	239	4
Btab-B-G6031-Map19	1170	II	MITE	MITE	84	22
Btab-B-R6491-Map3	1390	II	TIR	NA	133	1
Btab-B-R17982-Map3	958	II	Helitron	Helitron	19	3
Btab-B-R4324-Map20	8394	II	TIR	NA	1540	1
Btab-B-G5332-Map9	801	II	TIR	NA	27	7
Btab-B-R23025-Map4	282	II	MITE	MITE	23	4
Btab-B-G11437-Map3	377	II	MITE	MITE	46	12
Btab-B-G7853-Map4	1353	II	MITE	MITE	62	4
Btab-B-R3561-Map13	2056	II	TIR	NA	314	7
Btab-B-R3191-Map12	1402	II	TIR	<i>Mutator</i>	103	3
Btab-B-R924-Map20	1233	II	TIR	NA	94	15
Btab-B-G11817-Map3	435	II	MITE	MITE	4	3
Btab-B-G1803-Map3	666	II	MITE	MITE	20	2
Btab-B-R651-Map3	513	II	MITE	MITE	1807	32
Btab-B-G7212-Map7	1203	II	Unclassified	Academ	15	1
Btab-B-G1698-Map5	661	II	MITE	MITE	138	3
Btab-B-R1160-Map20	1706	II	TIR	NA	100	39
Btab-B-R7094-Map3	766	II	TIR	NA	39	9
Btab-B-G2430-Map3	833	II	TIR	NA	22	8
Btab-B-G11953-Map7	487	II	MITE	MITE	27	11
Btab-B-G3084-Map20	1012	II	TIR	NA	139	13
Btab-B-R4358-Map6_reversed	1351	II	TIR	<i>Mutator</i>	42	1

Btab-B-G4695-Map5	853	II	MITE	MITE	404	6
Btab-B-G4988-Map6	800	II	MITE	MITE	50	6
Btab-B-R3006-Map20	3091	II	TIR	Academ	60	7
Btab-B-G5199-Map3	948	II	TIR	NA	11	3
Btab-B-G9433-Map4	3426	II	Unclassified	Academ	111	6
Btab-B-R5140-Map6_reversed	1623	II	TIR	<i>Mutator</i>	36	1
Btab-B-R1488-Map20	14665	II	Maverick	Maverick	257	1
Btab-B-G3532-Map12	753	II	MITE	MITE	62	5
Btab-B-R902-Map20	1175	II	Helitron	Helitron	26	9
Btab-B-R11755-Map3	768	II	TIR	<i>Mutator</i>	8	2
Btab-B-G1301-Map20	1029	II	MITE	MITE	115	31
Btab-B-G6847-Map9	1079	II	TIR	NA	32	11
Btab-B-R959-Map20	837	II	TIR	NA	44	12
Btab-B-G7284-Map6	1208	II	TIR	<i>Mutator</i>	67	5
Btab-B-R4206-Map20	955	II	MITE	MITE	131	31
Btab-B-R8906-Map9	2673	II	Unclassified	Sola	58	4
Btab-B-G7236-Map20	1213	II	TIR	NA	422	4
Btab-B-R17877-Map3	1097	II	Helitron	Helitron	10	2
Btab-B-R1047-Map20	2076	II	MITE	MITE	134	5
Btab-B-G9029-Map8	2201	II	TIR	NA	25	12
Btab-B-R4829-Map20	3514	II	TIR	NA	137	13
Btab-B-G812-Map5	576	II	MITE	MITE	155	4
Btab-B-R447-Map4	8348	II	NA	NA	317	1
Btab-B-G8767-Map8	2314	II	MITE	MITE	286	15
Btab-B-G10419-Map4	397	II	MITE	MITE	80	9
Btab-B-R2303-Map5	363	II	MITE	MITE	67	8
Btab-B-R2342-Map18	4073	II	TIR	NA	3039	4
Btab-B-R43-Map20	575	II	MITE	MITE	27	2
Btab-B-G6386-Map14	960	II	TIR	NA	98	9
Btab-B-R2845-Map8	1428	II	TIR	hAT	18	1
Btab-B-G1988-Map20	602	II	MITE	MITE	110	3
Btab-B-G12825-Map11	439	II	MITE	MITE	27	10
Btab-B-R2161-Map4	3272	II	TIR	NA	105	1

Btab-B-R7433-Map5	1147	II	TIR	NA	162	4
Btab-B-G8656-Map4	1946	II	TIR	hAT	217	4
Btab-B-G7206-Map20	1327	II	MITE	MITE	294	47
Btab-B-R338-Map11	3186	II	TIR	NA	496	5
Btab-B-R5067-Map8	1233	II	MITE	MITE	22	3
Btab-B-G11370-Map9	381	II	MITE	MITE	13	6
Btab-B-G5123-Map6	877	II	MITE	MITE	27	6
Btab-B-R4154-Map20	2530	II	MITE	MITE	131	4
Btab-B-R2806-Map4	1023	II	TIR	NA	19	1
Btab-B-G10193-Map4	377	II	MITE	MITE	39	10
Btab-B-G7731-Map19	1350	II	TIR	NA	123	16
Btab-B-G1820-Map17	616	II	MITE	MITE	40	13
Btab-B-G1156-Map13	626	II	MITE	MITE	17	5
Btab-B-R6395-Map4	1109	II	TIR	<i>Mutator</i>	11	2
Btab-B-R3734-Map20	1106	II	TIR	NA	354	10
Btab-B-G8566-Map3	1769	II	TIR	NA	43	3
Btab-B-G3903-Map4	882	II	TIR	NA	1011	5
Btab-B-R6155-Map6	1077	II	TIR	NA	39	3
Btab-B-G3336-Map9	795	II	TIR	NA	275	11

Tableau S2 Gènes de détoxication et d'autres familles qui sont exprimés de manière différentielle lors du traitement aux insecticides.

Gene	Categorie	Souche sensible							Souche resistente						
		control1	control2	control3	treatment1	treatment2	treatment3	Adjusted p	control1	control2	control3	treatment1	treatment2	treatment3	Adjusted p
Bta20010	ABC	4,13	3,22	4,25	8,7	6,06	6,7	0,0000582	6,96	5,18	14,06	7,21	9,24	6,93	0,784376447
Bta03411	ABC	4,41	4,96	4,62	3,57	2,34	3,61	0,031996022	6,54	5,92	8,33	3,54	5,56	5,21	0,098729709
Bta06462	ABC	3,92	2,61	4,4	2,25	1,69	3,6	0,146876328	5,4	5,36	6,44	2,15	4,18	2,43	0,00215106
Bta09316	ABC	23,48	15,64	20,7	71,19	50,54	45,56	5,79E-12	31,06	22,58	31,8	37,27	69,84	49,8	0,023911325
Bta12719	ABC	10,12	10,81	13,15	31,37	27,5	18,28	0,000000899	12,34	8,21	20,27	15,87	25,12	19,13	0,195002636
Bta13656	ABC	5,28	5,84	5,42	11,98	9,92	9,26	2,45E-08	5,95	4,13	11,18	6,49	9,49	9,84	0,639183587
Bta14966	ABC	8,86	12,28	12,19	34,98	36,16	20,97	0,000000028	9,45	6,55	14,16	21,18	22,69	62,57	0,00096382
Bta15685	ABC	1,45	1,36	1,22	4,36	3,62	2,59	7,31E-08	2,42	1,77	5,15	2,97	3,62	4,1	0,913099061
Bta15602	APO	0,32	1,21	0,18	1,22	2,25	0,58	0,014189605	0,38	0	0,88	1,95	0,29	3,01	0,25071204
Bta05381	CCE	1,19	1,52	1,03	2,36	2,94	1,87	0,0000171	1,33	1,01	2,31	2,17	1,93	3,58	0,316394708
Bta07964	CCE	4,13	3,45	4,6	3,27	1,25	3,97	0,127827386	6,32	6,84	12,33	1,87	4,03	1,35	0,000369916
Bta08717	CCE	1,39	0,77	0,57	1,94	2,06	1,35	0,015206547	1,5	0,84	1,72	1,67	1,46	2,16	0,851476942
Bta12103	CCE	0,88	1,17	0,9	1,56	2,36	1,32	0,017873694	1,36	1,08	2,02	1,54	2,55	2,05	0,7390597
Bta12234	CCE	4,72	8,47	5,04	9,32	18,69	6,44	0,01374401	4,1	2,21	5,76	13,74	2,71	17,46	0,259525013
Bta13219	CCE	0,38	0,76	0,94	0,46	1,46	0,51	0,810468619	1,3	2,08	2,27	0,76	0,78	0,35	0,001948507
Bta20023	CCE	0,72	0,38	0,88	2,27	1,43	1,12	0,003224514	1,98	1,22	7,13	1,43	1,99	3,54	0,390058102
Bta02143	CTS	9,97	9,08	10,03	6,47	2,11	3,18	0,004594126	14,96	13,52	14,07	3,29	9,22	3,14	0,00948704
Bta04041	CTS	8,65	13,48	9,31	3,59	1,5	3,37	8,93E-10	17,61	15,32	14,42	5,17	9,2	1,87	0,007756096
Bta07092	CTS	0,3	0,45	0,1	0,78	2,28	0,34	0,008913319	0,13	0,14	0,84	2,58	0,61	1,64	0,149731715
Bta09313	CTS	112,23	174,33	135,82	30,89	7,66	32,32	5,82E-13	58,17	58,75	81,32	2,3	25,4	1,08	0,004864613
Bta08697	CTS	32,58	42,31	41,98	17,89	3,37	24,21	0,003699744	128,4	116,49	114,49	19,69	127,22	8,99	0,339975158
Bta14717	CTS	1,88	3,83	1,55	0,29	0,06	1	0,000022	0,55	0,21	0,34	0,13	0,2	0	NA
Bta14718	CTS	21,86	32,45	21,74	6,87	1,68	8,89	3,14E-10	4,01	2,45	4,47	1,75	3,78	5,56	0,762557163

Bta08035	CTS	69,67	78,39	10,81	55,65	119,59	26,39	0,914988059	105,09	88,94	252,57	32,54	90,09	91,25	0,016978983
Bta05912	CTS	4	6,4	5,12	0,21	0,22	0,91	7,37E-20	7,72	5,98	6,45	0	0,42	0,13	5,48E-23
Bta09772	CTS	64,84	99,95	63,83	40,53	10,5	34,46	0,0000884	33,76	22,61	28,21	7,52	38,03	6,37	0,426459274
Bta03882	CTS	8,56	12,07	0,89	6,18	13,64	2,88	0,962095589	10,83	8,95	33,02	1,3	8,46	6,06	0,034230835
Bta03880	CTS	46,96	73,88	65,28	10,66	2,09	29,37	0,0000375	69,28	77,28	86,52	3,34	34,64	0,81	0,016677154
Bta04737	CTS	0,42	0,82	0,77	0,14	0,05	0,08	0,0000147	0,56	0,43	0,95	0,39	0,41	0,17	0,268064344
Bta02560	CTS	9,23	10,46	10,52	3,18	3,91	6,79	0,002495305	25,72	19,51	40,03	27,32	25,27	27,48	0,704556635
Bta07152	CTS	1,32	1,27	1,5	2,65	2,75	1,92	0,030379587	1,47	1,12	2,82	2,06	1,94	4,44	0,530779145
Bta12604	CTS	1,61	2,89	3,11	1,52	0,91	1,5	0,006555961	1,5	0,77	1,89	0,78	0,41	0,52	0,117133421
Bta14750	CTS	6,99	10,65	6,15	75,76	53,43	122,62	8,16E-20	28,23	16,38	148,86	172,44	222,46	50,67	0,097923975
Bta06694	CTS	0,89	1,56	1,78	0,71	0,13	0,62	0,010744859	1,78	0,7	1,05	0,14	0,81	0	NA
Bta02183	CTS	19,79	17,24	24,23	50,32	34,75	24,91	0,0000422	21,94	19,29	29,99	16,71	27,59	18,2	0,873852536
Bta09314	CTS	3,74	2,57	2,96	0,83	0	0,72	0,000000167	5,67	5,64	19,68	0,12	2,3	0,19	0,000064
Bta12286	CTS	12,68	16,12	14,29	7,31	0,46	10,88	0,026732934	46,19	46,5	59,77	10,66	37,17	5,05	0,048597288
Bta05911	CTS	2,05	1,69	2,06	1,6	0,2	0,96	0,027339413	6,33	7,79	8,44	0,18	0,95	0,34	1,01E-11
Bta00173	CTS	3,78	2,37	5,9	3,18	0,86	4,62	0,321155892	4,49	4,92	6,18	1,09	3,14	0,56	0,013770494
Bta08951	CTS	54,1	97,38	59,06	65,85	12,31	40,15	0,015362456	65,45	48,8	85,09	17,22	62,53	17,6	0,219398429
Bta01769	CTS	2,86	4,71	3,3	1,41	0,79	0,8	0,00000051	9,01	10,18	12,37	8,04	5,4	8,69	0,175906789
Bta14751	CTS	33,2	62,8	35,83	135,87	27,75	115,7	0,038836278	62,54	56,09	108,82	22,19	123,2	30,53	0,903636871
Bta06690	CTS	2,1	3,64	2,78	0,87	0,23	1,33	0,00000931	2,55	2,5	2,38	0,25	0,75	0,59	0,00101839
Bta20004	CTS	270,48	412,49	288,41	244,09	37,82	197,94	0,013289079	196,62	173,81	285,12	38,04	191,6	31,62	0,282357724
Bta06693	CTS	46,33	72,42	47,33	41,77	16,46	29,59	0,00016533	40,44	34,59	42,88	17,41	33,61	12,39	0,172230225
Bta03175	GST	13,2	23,67	15,99	26,63	21,89	14,16	0,602264888	8,5	6,06	11,97	23,82	12,75	18,44	0,045807782
Bta03176	GST	18,39	26,51	20,63	40,32	31,21	20,14	0,057253775	12,44	8,37	15,99	35,66	18,2	25,96	0,00948704
Bta03180	GST	18,65	23,47	21,73	66,98	51,01	36,08	6,16E-15	38,05	22,7	75,21	55,44	53,73	50,11	0,839168871
Bta12671	GST	103,53	102,07	100,31	57,24	68,32	45,1	0,019134266	63,98	58,2	80,82	40,67	41,85	35,19	0,004404838
Bta11440	GST	0,37	0,18	0,13	1,02	1,67	0,27	0,001761262	0,76	0,23	1,02	1,1	0,94	1,56	0,636559261
Bta04696	CYP	8,65	6,9	10,35	7,37	4,68	6,05	0,110772457	10,07	10,4	11,05	3,79	6,74	3,26	0,000294349

Bta04697	CYP	1,03	1,44	1,67	3,2	3,48	2,64	0,000115831	1,62	1,68	4,42	1,27	2,23	1,82	0,410072776
Bta02034	CYP	0,52	0,72	0,72	1,11	1,5	1,23	0,004211675	1,12	0,77	2,5	1,95	1,7	2,29	0,518204022
Bta02801	CYP	6,58	8,45	7,01	2,8	0,71	5,12	0,003218769	9,25	10,49	12,12	0,7	8,96	0,96	0,129844714
Bta04552	CYP	32,78	41,68	26,11	38,34	44,33	22,63	0,499193793	92,74	65,96	147,06	28,2	76,36	29,61	0,017171137
Bta05553	CYP	5,2	7,55	7,79	3,11	2,51	2,71	0,0000142	6,67	6,68	6,57	4,41	4,16	3,05	0,077619148
Bta06043	CYP	3	5,35	5,53	1,23	0,91	6,34	0,336208633	0,88	0,99	1,96	1,68	5,99	3,38	0,003995099
Bta06044	CYP	1,22	1,68	1,67	0,36	0	4,1	0,992117038	0,5	0,59	1,22	0,59	4,89	1,7	0,029961707
Bta06046	CYP	1,61	2,65	2,84	0,89	0,26	6,08	0,956019442	0,78	1,08	1,61	1,23	6,11	2,2	0,030301586
Bta06047	CYP	2,32	5,67	6,32	0,28	0,98	3,96	0,025688443	1,02	1,1	2,18	0	2,3	2,56	0,893485423
Bta06048	CYP	6,09	13,8	10,35	1,89	2,65	14,57	0,307007242	3,06	2,18	8,41	6,44	29,24	10,23	0,002281826
Bta06049	CYP	0,95	1	1,13	0,34	0,46	1,26	0,195193682	0,17	0,09	0,7	0,29	1,58	0,61	0,046684061
Bta07221	CYP	23,7	20,95	20,36	35,13	40,47	36,87	0,000000829	47,7	38,59	85,62	53,6	69,22	66,04	0,972372274
Bta07679	CYP	4,72	2,68	3,2	7,38	5,41	6,72	0,0000495	4,39	3,86	5,4	3,27	7,38	2,9	0,991896614
Bta08703	CYP	0,54	0,59	1	0,5	0,67	0,64	0,844853272	3,19	3,52	5,73	1,62	2,44	1,68	0,006346855
Bta09536	CYP	10,83	11	13,51	39,23	27,95	23,16	3,03E-11	19,44	15,54	27,73	59,03	34,01	149,73	0,010494382
Bta10742	CYP	1,15	2,39	3,08	1,11	1,25	3,37	0,721338823	0,13	0,15	1,11	0,84	2,08	1,3	0,020962999
Bta10743	CYP	0,92	2,04	0,6	0,38	0,32	2,43	1	0,36	0,28	2,01	1,31	3,41	2,44	0,02711818
Bta11925	CYP	5,69	8,83	7,45	15,43	11,88	7,24	0,000727508	5,61	3,59	4,65	17,04	8,98	10,48	0,005585288
Bta14546	CYP	0,58	0,46	0,59	0,63	0,9	1,09	0,042671154	0,76	0,65	0,77	1,2	0,63	1,47	0,748060775
Bta02253	CYP	2,5	2,51	2,52	3,09	5,53	3,49	0,006929226	5,35	4,3	9	7,62	6,98	8,37	0,971410079
Bta04623	CYP	2,47	3,68	3,09	4,6	7,18	3,82	0,014002277	3,21	4,4	4,28	9,72	4,18	13,62	0,37147084
Bta06110	CYP	0,76	1,27	1,3	1,71	1,3	1,13	0,767690026	0,94	0,81	1,35	2,86	1,87	2,83	0,034273272
Bta06378	CYP	1,74	1,64	2,52	3,9	6,04	2,65	0,00024836	2,49	1,8	9,38	7,86	4,64	5,37	0,804373951
Bta06705	CYP	1,06	1,07	1,23	2,29	2,77	2,18	0,000143111	6,06	5,38	15,37	3,41	8,15	8,16	0,349076739
Bta08651	CYP	5,87	6,69	6,17	14,34	11,44	7,38	0,000119798	4,66	3,73	6,43	11,95	7,77	9,76	0,025648092
Bta10847	CYP	1,76	1,9	1,63	17,18	16,9	3,43	1,66E-14	4,68	0,35	6,38	5,04	10,24	8,99	0,28854889
Bta11261	CYP	10,48	10,96	14,22	4,01	3,33	4,48	0,00000144	6,28	4,95	4,67	1,83	2,61	1,26	0,001136277
Bta14906	CYP	3,98	2,59	3,29	11,69	10,27	5,5	1,14E-08	6,35	3,07	11,92	11,09	10,49	11,44	0,319750086
Bta15606	CYP	1,46	1,82	2,64	0,57	0,52	0,7	0,000490757	1,28	0,36	0,32	0,38	0,21	0,58	NA

Bta07931	PEBP	0,73	1,21	1,14	0,81	0,46	1,31	0,373885669	4,58	3,96	4,89	2,18	1,81	1,35	0,006570079
Bta07891	PEBP	3,76	3,85	7,49	3,97	2,11	5,76	0,491087135	6,01	4,39	8,53	1,35	4,38	1,49	0,005988055
Bta12409	PEBP	1,29	0,85	1,87	1,12	0,45	1,38	0,290315192	1,6	1,56	2,6	0,65	0,99	0,58	0,001433667
Bta12422	PEBP	3,4	2,67	5,21	3,64	2,11	3,63	0,331847643	6,17	7,02	8,86	3,47	4,02	3,7	0,004181358
Bta12415	PEBP	11,03	9,45	14,25	8,57	5,48	9,93	0,080642313	7,42	8,33	12,56	6,02	4,66	3,69	0,007896653
Bta12408	PEBP	10,12	9,37	17,51	6,79	5,45	9,33	0,025218136	12,73	10,79	16,31	2,64	6,32	2,72	0,000306941
Bta12423	PEBP	7,38	5,91	13,03	7,74	4,52	8,66	0,261852041	12,74	15,23	18,82	9,32	6,84	5,82	0,000646952
Bta01556	PEBP	5,48	5,91	9,86	8,14	5,27	6,48	0,732624377	5,67	5,53	6,56	3,16	3,58	2,66	0,024860518
Bta15445	PEBP	1,6	1,59	2,95	1,27	0,73	1,19	0,032195526	2,14	3,1	2,81	0,68	1,5	0,18	0,002478696
Bta13010	PEBP	1,78	1,04	3,02	0,98	0,13	2,03	0,279147111	9,65	8,66	11,77	4,71	5,96	2,43	0,038733992
Bta09473	PEBP	7,12	6,77	12,04	11,98	5,7	12,19	0,978282953	10,82	10,86	15,65	5,88	7,55	4,36	0,010980938
Bta12136	PEBP	0,49	0,51	0,75	0,42	0,26	0,3	0,051878231	0,79	0,61	1,58	0,4	0,45	0,19	0,030743584
Bta12135	PEBP	1,52	1,89	1,84	2,25	1,2	2,12	0,624893663	2,4	2,27	4,65	1,11	1,42	0,64	0,001067079
Bta12137	PEBP	3,35	4,09	8,45	4,17	1,59	3,57	0,064846058	8,1	7,72	9,84	3,48	4,98	1,42	0,001633553
Bta12139	PEBP	8,89	8,98	14,12	10,31	8,03	10,78	0,361713897	3,93	3,55	7,95	2	2,74	1,65	0,005465651
Bta03980	PEBP	6,07	9,83	13,36	10,28	6,13	8,31	0,308768244	8,09	5,64	13,06	5,99	4,61	4,75	0,02525783
Bta12504	PEBP	8,68	8,66	12,75	7,3	6,08	9,36	0,155772987	7,07	7,6	11,08	4,34	3,55	2,58	0,005518637
Bta06595	PEBP	10,08	10,24	17,32	10,73	6,61	12,25	0,230020005	13,54	12,9	25,55	8	9,64	4,45	0,002040665
Bta01379	PEBP	10,89	8,91	15,04	7,9	4,87	9,53	0,017211941	17,94	19,16	22,48	7,64	9,74	4,4	0,00000103
Bta01433	PEBP	15	19,45	26,45	16,12	12,94	19,65	0,145932721	16,44	17,82	25,75	10,6	9,59	8,2	0,000026
Bta01368	PEBP	4,64	4,75	8,62	4,37	2,41	6,4	0,210276887	11,52	12,38	14,31	4,79	8,23	3,31	0,010214494
Bta01361	PEBP	12,77	11,82	17,26	10,53	6,81	13,83	0,110120357	19,96	21,46	28,35	11,35	14,84	6,1	0,00944294
Bta01447	PEBP	2,08	1,32	2,42	1,93	0,63	1,75	0,221384883	2,9	5,64	4,49	0,95	1,97	1,34	0,001594974
Bta01451	PEBP	6,87	6,85	10,16	8,17	5,93	7,75	0,357905683	6,29	6,3	8,19	4,2	4,59	3,45	0,007064864
Bta01435	PEBP	6,93	7,9	13,32	10,09	4,84	11,42	0,551460508	5,78	6,4	9,35	3,55	3,39	3,57	0,000388834
Bta01425	PEBP	4,2	2,82	7,27	4	1,35	5,01	0,274420158	4,86	6,66	8,11	1,13	3,37	1,2	0,00069558
Bta01383	PEBP	6,57	4,2	12,06	4,51	2,39	8,05	0,232664038	9,02	9,2	12,37	2,36	4,56	2,17	0,0000602
Bta01420	PEBP	7,24	8,35	12,77	11,25	9,49	9,38	0,930904327	21,92	24,3	33,51	12,54	11,75	10,15	0,0000978
Bta01362	PEBP	10,62	9,91	18,71	10,67	5,26	13,53	0,319010558	32,35	36,82	44,52	13,66	29,57	8,42	0,015324585

Bta01385	PEBP	10,27	13,96	15,32	9,48	6,75	9,2	0,011491044	8,99	8,01	13,97	9,23	4,85	4,06	0,057626328
Bta01432	PEBP	3,67	2,37	6,89	3,23	1,53	5,55	0,407448964	7,46	7,33	12,98	2,67	5,01	1,69	0,003329023
Bta01354	PEBP	7,85	10,35	13,55	9,99	5,9	10,01	0,28038265	11,94	13,29	18	5,18	6,76	3,56	0,00000725
Bta01438	PEBP	2,24	2,26	2,96	2,14	0,73	2,24	0,113400185	2,28	2,63	3,3	0,99	1,29	0,43	0,000597644
Bta01357	PEBP	20,08	23,04	30,41	23,3	19,73	28,41	0,763903224	8,12	6,04	11,74	5,73	3,74	4,93	0,043670426
Bta01423	PEBP	1,2	0,87	2,2	1,03	0,94	1,31	0,29494952	1,22	1,62	2,32	0,82	0,6	0,08	0,002232492
Bta01452	PEBP	7,99	8,28	11,6	8,29	6,29	8,71	0,213720023	10,67	9,83	12,49	5	6,27	4,41	0,0000737
Bta01456	PEBP	2,38	2,98	3,71	2,28	1,4	3,03	0,453528462	3,86	4,33	5,82	1,95	1,84	0,43	0,0032948
Bta01372	PEBP	4,56	5,59	8,96	5,54	3,79	5,41	0,086700259	4,27	3,96	6,95	1,71	2,49	0,55	0,000502129
Bta01370	PEBP	4,66	6,46	7,5	5,01	4,77	5,18	0,263216751	6,42	7,51	8,18	4,33	3,59	4,76	0,00064739
Bta01355	PEBP	7,23	6,85	12,95	6,56	4,97	7,92	0,09961339	5,66	6,01	8,44	2,45	2,61	1,42	0,0000386
Bta01443	PEBP	14,05	12,27	20,05	10,21	6,54	16,04	0,133178195	18,68	19,37	18,18	6,61	7,63	5,41	0,00000253
Bta01381	PEBP	2,35	3,39	3,88	3,51	1,54	2,53	0,159671205	3,34	5,11	5,01	2,09	1,76	0,46	0,003273908
Bta01422	PEBP	15,62	19,42	27,24	16,72	7,96	16,68	0,064384355	20,1	15,6	25,09	12,63	13,16	9,66	0,004306739
Bta01358	PEBP	7,57	6,24	11,24	5,42	2,78	8,33	0,13115435	1,25	2,29	1,87	0,43	0,63	0,22	0,0000801
Bta01450	PEBP	1,54	1,11	2,26	1,9	0,85	1,28	0,374969773	1,24	1,26	2,75	0,74	0,6	0,84	0,02317471
Bta01369	PEBP	3,91	4,02	8,72	4,5	1,96	4,88	0,119283561	5,86	5,3	8,47	2,9	2,82	2,45	0,000012
Bta01371	PEBP	2,14	1,84	2,99	1,58	1,16	3,62	0,684928496	3,53	3,58	5,79	0,81	2,2	0,54	0,000128548
Bta01363	PEBP	1,97	3,22	4,25	2,25	1,87	2,58	0,153463084	7,05	6,65	11,17	4,35	3,19	2,54	0,0000737
Bta01347	PEBP	4,73	4,29	11,12	5,52	3,75	6,04	0,340527772	9,68	7,63	14,93	2,6	4,83	1,48	0,0000105
Bta01419	PEBP	9,73	13,44	15,01	9,56	7,55	9,58	0,052612544	15,34	16,5	23,09	10,7	9,4	7,23	0,00161883
Bta01377	PEBP	3,76	3,78	5,85	5,55	3,37	5,23	0,734031489	4,27	6,18	5,62	3,69	2,81	1,43	0,027360374
Bta01424	PEBP	3,43	3,35	6,25	5,03	2,05	5,69	0,67134587	2,61	2,75	5,24	1,27	2,15	0,68	0,009202753
Bta01448	PEBP	4,76	4,75	8,1	3,8	1,98	4,74	0,012642051	7,99	9,36	12,23	2,45	4,72	1,76	0,0000427
Bta01426	PEBP	1,38	0,85	1,43	1,06	0,67	1,63	0,683649171	1,23	2,08	2,52	0,7	0,84	0,32	0,005216521
Bta01348	PEBP	1,52	2,57	2,95	1,57	1,57	2,16	0,175923466	4,33	4,11	5,97	2,69	1,89	2,39	0,0000336
Bta01346	PEBP	4,11	2,81	7,71	3,13	1,98	3,5	0,092359903	6,18	5,71	9,72	4,22	3,02	3	0,001530241
Bta01446	PEBP	13,92	13,29	20,87	14,91	12,74	15,17	0,504358592	23,52	21,65	28,19	13,6	13,44	11,97	0,000473842
Bta01375	PEBP	6,13	7,03	10,87	5,81	5,82	7,37	0,179490456	3,62	3,34	4,7	2,88	2,32	1,93	0,018388047

Bta01454	PEBP	4,01	4,23	8,31	4,18	2,38	6,77	0,394232626	4,97	7,77	11,04	2,87	4,53	2,29	0,002278063
Bta01455	PEBP	3,3	3,51	5,85	6,68	2,16	4,83	1	8,7	8,68	16,62	5,54	5,91	2,86	0,003140065
Bta01378	PEBP	1,62	2,16	3,56	2,7	1,43	2,94	0,590975183	4,51	4,54	6,45	2,75	2,53	2,59	0,003273908
Bta01356	PEBP	4,79	5,74	8,68	3,91	2,74	5,01	0,009679642	2,2	2,54	3,18	0,87	1,37	0,49	0,009024391
Bta01453	PEBP	2,78	3,26	4,68	2,66	0,3	2,81	0,241618468	6,15	4,86	10,01	1,47	3,11	1,77	0,000212883
Bta01350	PEBP	2,78	3,14	4,31	2,53	1,69	3,02	0,146468593	3,47	5,65	7,02	2,36	2,35	1,3	0,000711418
Bta01428	PEBP	4,19	3,93	8,1	5,47	2,9	4,17	0,234886623	6,42	6,96	8,89	3,03	4,15	2,34	0,000418887
Bta01376	PEBP	22,03	29,01	36,69	39,27	24,1	36,06	0,974107803	21,19	24,89	33,48	20,66	14,68	12,04	0,0256515
Bta01457	PEBP	3,62	4,66	6,36	4,6	1,49	2,96	0,114837096	11,39	9,74	18,66	4,2	3,76	5,05	0,000510958
Bta03412	PEBP	3,23	2,56	4,86	3,07	1,75	2,95	0,109834397	4,95	6,04	7,47	1,84	3,02	1,39	0,000218859
Bta15192	PEBP	2,5	2,45	3,62	2,07	1,2	3,26	0,379732878	3,77	4,85	5,36	1,42	3,01	0,89	0,010108153
Bta15185	PEBP	7,56	11,17	9,41	11,03	7,13	4,46	0,307007242	8,44	8,84	12,85	7,64	3,96	6,63	0,049420176
Bta15220	PEBP	8,99	9,69	15,35	6,11	3,2	7,72	0,000585926	8,2	9,93	14,32	4,64	5,76	2,4	0,000285535
Bta15206	PEBP	2,41	2,63	4,5	2,37	1,61	2,16	0,025296622	2,13	2,61	3,75	0,99	0,97	0,76	0,000026
Bta15205	PEBP	3,42	3,2	5,89	2,99	1,63	3,21	0,011434693	1,9	1,95	3,28	1,47	1,4	1,36	0,132360907
Bta15207	PEBP	9,22	13,6	16,13	13,9	10,27	10,43	0,340551812	15,2	15,21	27,47	10,87	9,5	8,64	0,000648606
Bta15221	PEBP	0,26	0,39	0,73	0,47	0,31	0,62	0,773050319	1,8	2,24	3,01	1,2	1,31	1,06	0,003140065
Bta15186	PEBP	5,14	7,8	7,01	7,59	5,33	5,25	0,6283814	6,81	7,33	9,96	4,94	4,2	5,23	0,015573858
Bta15176	PEBP	3,6	3,4	6,86	2,6	2,33	4,06	0,163668903	3,29	5,86	5,57	1,44	2,81	0,99	0,004594448
Bta03876	PEBP	0,68	0,55	0,99	0,54	0,32	0,52	0,057391111	0,47	0,54	0,27	0,03	0,16	0,05	0,003273908
Bta11267	PEBP	4,97	5,42	7,44	4,47	1,93	5,96	0,266040145	11,01	9,68	13,16	3,09	6,69	1,76	0,01259208
Bta06026	PEBP	5,61	2,99	9,63	3,51	0,96	3,26	0,005336917	4,66	4,09	4,94	0,66	1,94	0,61	0,014133595
Bta06028	PEBP	5,47	6,94	9,4	4,97	2,83	7,23	0,096062146	10,29	9,57	13,95	4,62	5,8	4,03	0,00015247
Bta10081	PEBP	12,21	16,16	25,53	15,11	11,17	11,94	0,048316083	7,74	7,6	14,35	9,57	10,31	7,9	0,847704258
Bta10077	PEBP	6,81	6,77	13,12	8,56	6,12	7,87	0,401836541	9,61	11,49	16,99	5,26	7,59	7,3	0,003732687
Bta10072	PEBP	8,88	7,81	15,97	6,99	3,1	11,09	0,108931572	15,18	17,98	17,44	3,23	6,83	2,33	0,00000969
Bta10069	PEBP	8,33	9,29	14,35	11,69	6,16	9,71	0,439650365	17,55	19,56	33,97	12,77	10,55	7,14	0,001773144
Bta10075	PEBP	14,65	18,23	25,92	18,69	13,11	17,55	0,227937978	13,85	14,01	21,88	9,08	8,56	5,51	0,0000594
Bta10066	PEBP	7,23	7,86	10,17	7,06	4,81	7,55	0,126590403	8,77	9,63	15,34	4,66	3,3	2,4	0,0000536

Bta10070	PEBP	7,13	6,32	13,42	7,16	3,22	9,84	0,191242324	8,22	8,39	10,96	2,59	4,47	1,1	0,00185156
Bta10074	PEBP	27,38	33,79	46,39	39,41	26,49	39,7	0,660113824	29,5	28,84	52,21	21,55	18,98	16,01	0,000352675
Bta10068	PEBP	3,36	3,5	5,66	3,49	2,32	5,39	0,627264519	11,73	11,62	15,54	4,93	5,49	3,69	0,00000332
Bta10067	PEBP	3,23	4,33	6,52	4,93	1,77	4,07	0,187271839	2,71	3,14	4,1	2,26	1,79	1,16	0,036554726
Bta10083	PEBP	4,6	3,25	12,33	4,57	2,16	4,43	0,084544216	9,85	10,68	12,23	2,67	5,87	2,29	0,000945222
Bta12126	PEBP	1,55	2,01	4,01	2,31	1,19	2,51	0,431539213	2,89	3,52	4,1	1,14	2,04	0,89	0,002345312
Bta06854	PEBP	3,52	3,87	6,82	4,24	3	4,76	0,759946491	4,2	5,07	5,7	3,29	2,66	2,89	0,023028568
Bta12466	PEBP	4,74	3,49	7,96	5,98	2,78	6,03	0,524647025	4,42	3,91	8,53	3,13	3,5	1,45	0,030764047
Bta12467	PEBP	1,92	1,19	2,24	1,75	1,35	2,31	0,95299643	4,19	3,33	3,69	1,42	2,86	0,86	0,045046218
Bta14226	PEBP	6,03	4,27	8,63	4,31	2,04	5,39	0,078314595	9,01	8,2	9,53	1,75	4,35	0,75	0,000302984
Bta13188	PEBP	3,63	2,85	4,95	3,06	2,49	3,47	0,403466278	1,82	2,48	4,05	1,31	1,31	0,37	0,019998075
Bta13190	PEBP	5,44	7,94	9,69	8,57	7,19	6,3	0,584983349	7,84	7,66	11,2	5,61	5,41	4,07	0,014670063
Bta13191	PEBP	7,29	3,99	13,48	3,94	1,27	7,01	0,05183258	8,45	12,25	11,04	3,99	6,88	1,54	0,00948704
Bta13187	PEBP	1,21	1,6	3,66	1,6	1	2,29	0,364018749	2,32	1,59	3,54	0,88	1,21	0,51	0,027318289
Bta13189	PEBP	5,61	4,56	8,81	3,74	2,13	6,05	0,077846804	2,29	3,15	4,77	1,24	1,6	0,96	0,022940881
Bta12229	PEBP	4,14	2,81	4,26	3,15	1,92	4,53	0,327924113	5,67	6,68	9,46	3,76	4,04	2,98	0,003705118
Bta06207	PEBP	14,38	11,05	20,26	12	10,31	14,82	0,240044332	30,02	28,73	34,84	14,94	24,45	12,63	0,007504057
Bta11093	PEBP	5,73	5,17	7,61	5,21	3,09	5,39	0,271906833	5,07	5,18	7,93	2,68	3,52	0,87	0,004696989
Bta11151	PEBP	4,07	5,5	6,98	5,13	3,33	5,15	0,368686335	5,35	6,74	8,46	3,23	4,48	3,8	0,019396651
Bta02907	PEBP	2,89	2,9	5,22	3,15	1,16	4,49	0,299202504	4,02	4,04	5,37	2,93	1,87	1,74	0,015829365
Bta02993	PEBP	4,76	5,44	7,52	5,61	3,41	6,06	0,361146342	3,19	3,61	5,05	1,85	2,42	0,87	0,008753193
Bta02995	PEBP	7,71	7,14	11,61	6,29	3,82	7	0,021786499	7,78	9,19	14,48	3,63	3,85	2,87	0,00000266
Bta00536	PEBP	16,02	12,19	23,27	9,15	8,1	17,53	0,106263509	17,25	20,09	16,59	10,47	12,32	7,13	0,004331417
Bta00535	PEBP	1,25	3,44	2,92	3,06	2,28	2,27	0,766964073	6,4	6,1	8,2	1,43	4,84	2,21	0,035589947
Bta13140	PEBP	3,38	3,82	5,25	4,35	3,44	4,55	0,816110148	4,6	4,45	6,62	3,53	3,57	3,34	0,013641408
Bta13138	PEBP	5,85	4,99	10,45	4,62	4,22	6,04	0,128085267	8,12	10,06	13,68	4,63	6,17	2,6	0,00201038
Bta13136	PEBP	1,89	1,65	4,33	1,57	1,57	1,29	0,090320771	3,99	6,2	6,87	1,4	3,08	2,17	0,005825822
Bta06524	PEBP	3,27	3,29	5,29	4,01	2,23	4,76	0,677616214	5,25	4,74	7,23	2,18	2,41	0,9	0,000282103
Bta06521	PEBP	2,51	2,11	4,96	2,55	1,59	3,06	0,339404769	3,79	3,3	3,92	2,46	1,95	2,06	0,036024083

Bta06523	PEBP	6,43	7,44	10,93	7,3	4,86	7,48	0,302379896	8,74	9,4	16,75	6,67	6,49	2,84	0,020392914
Bta00720	PEBP	6,75	4,75	9,68	4,29	2,2	6,87	0,075653187	9,35	11,58	11,47	4,46	5,83	1,8	0,002013614
Bta00721	PEBP	10,14	11,31	16,24	9,35	7,33	11,47	0,063202328	10,95	11,48	15,65	8,21	7,56	4,93	0,0012848
Bta00717	PEBP	5,01	3,5	7,75	4,65	1,85	5,7	0,247116586	5,29	3,97	8,37	3,39	2,86	1,31	0,023911325
Bta00715	PEBP	1,25	0,63	1,05	0,51	0,65	0,89	0,319010558	1,81	1,73	2,83	0,71	1,22	0,55	0,048262254
Bta00719	PEBP	1,73	2,73	4,08	1,89	0,57	1,65	0,030140022	1,11	2,19	2,68	0,94	1,62	0,49	0,523068103
Bta14123	PEBP	7,5	6,59	11,58	7,44	2,98	11,32	0,422705747	11,78	12,76	18,78	2,97	8,09	2,35	0,001433667
Bta12424	PEBP	2,26	2,61	5,65	2,71	1,37	2,82	0,250679999	6,03	6,87	12,18	2,56	3,43	2,1	0,025648092
Bta12420	PEBP	16,57	8,66	28,47	12,46	7,7	18,06	0,279685228	38,77	46,4	43,14	14,02	24,54	10,46	0,000186762
Bta01436	PEBP	7,34	9,7	11,59	7,05	5,1	6,98	0,017429241	6,15	4,02	8,1	3,55	3,36	2,02	0,007477564
Bta01349	PEBP	2,75	3,92	3,88	3,36	2,14	3,96	0,400572383	6,92	8,56	10,35	4,51	4,89	2,73	0,005377246
Bta01360	PEBP	5,8	7,33	10,07	9,54	3,31	8,07	0,434609034	6,82	7,54	9,86	4,2	5,16	1,58	0,022307248
Bta01374	PEBP	16,91	28,88	33,16	26,92	16,68	20,21	0,250679999	13,85	12,41	28,94	13,07	10,07	7,08	0,040609456
Bta01444	PEBP	1,36	1,06	2,32	0,39	0,83	1,36	NA	3,47	2,73	4,64	2,27	1,5	1,41	0,045363175
Bta01380	PEBP	3,69	3,07	6,28	3,36	2,1	3,62	0,313991162	4,61	5,1	4,51	2,3	2,7	1,07	0,017298666
Bta01359	PEBP	42,55	58,42	74,56	50,8	38,84	44,66	0,050362931	35,73	41,87	69,82	36,17	30,36	17,64	0,011189874
Bta15209	PEBP	12,22	10,2	19,18	10,68	5,83	15,74	0,316716628	13,57	11,61	17,2	6,56	6,92	3,91	0,002281826
Bta15195	PEBP	4,7	7,01	4,96	5,25	2,44	5,15	0,470698097	5,75	4,24	7,66	2,87	4,21	2,07	0,030856687
Bta15217	PEBP	4,93	3,28	7,84	5,63	2,62	3,99	0,765068441	6,28	3,38	9,08	2,87	1,51	1,9	0,008465827
Bta10073	PEBP	7,55	15,86	13	14,47	7,96	9,35	0,455256354	10,51	12,06	18,07	9,33	9,03	5,84	0,026619533
Bta10079	PEBP	29,23	36,46	60,54	29,42	21,94	30,83	0,043931692	31,45	30,89	40,71	18,14	22,75	19,91	0,016147198
Bta06203	PEBP	2,31	0,38	2,96	0,87	0,13	3,35	0,600397039	6,55	6,03	7,5	0,87	2,44	0,22	0,001462275
Bta13139	PEBP	7,61	8,9	13,27	7,12	3,51	7,12	0,038175238	6,44	7,05	10,17	5,47	5,35	3,45	0,115645247
Bta00718	UGT	3,03	2,79	3,53	1,6	1,11	2,37	0,000494327	1,5	1,7	2,44	0,66	0,93	0,39	0,001485067
Bta01766	UGT	0,79	0,99	0,81	0,17	0,09	0,52	0,000342868	0,58	0,44	0,84	0,2	0,15	0	NA
Bta02228	UGT	7,51	5,77	7,33	16,21	15,05	11,01	0,000000026	8,92	5,43	12,28	6,71	10,53	6,14	0,906679426
Bta02603	UGT	44,95	51,67	41,53	110,78	59,88	53,84	0,000874121	31,75	33,75	50,48	31,06	44,57	18,1	0,727388931
Bta02604	UGT	6,86	6,93	6,74	15,37	12,67	10	0,000000319	8,84	7,67	13,12	5,2	10,68	5,81	0,41788674
Bta02726	UGT	24,39	36,6	26,67	20,72	10,26	24,15	0,032075163	44,5	42,01	51,32	14,23	46,53	9,32	0,171001472

Bta03431	UGT	1,62	1,27	1,24	4,68	4,45	1,86	0,000333852	2,24	0,99	3,17	1,57	2,43	2,05	0,739369216
Bta05604	UGT	6,82	4,96	5,57	24,2	16,83	9,13	2,13E-08	12,03	6,32	15,18	28,6	17,56	29,44	0,010578376
Bta06664	UGT	0,63	1,61	1,1	0,25	0,07	0,33	0,001181151	0,61	0,51	0,5	0,22	0,54	0	0,243302688
Bta07605	UGT	0,19	0,61	0,36	1,5	1,11	0,97	0,0160507	0,31	0,43	0,45	0,68	0,95	0,59	0,398865252
Bta07610	UGT	2,45	3,26	3,21	1,15	0,88	1,29	0,000499217	1,07	1,46	0,82	0,48	0,7	0,45	0,206030605
Bta07704	UGT	19,91	17,52	19,18	75,33	81,28	54,35	9,95E-26	22,6	23,71	31,92	23,06	50,81	21,75	0,776230221
Bta08213	UGT	0,72	0,59	0,19	0,94	1,25	0,82	0,027424193	0,69	0,78	0,53	0,55	0,6	0,96	0,856549821
Bta11101	UGT	1,33	1,99	1,54	0,48	0,29	1,45	0,131469692	1,9	1,94	3,16	0,16	0,71	0,62	0,000128548
Bta11864	UGT	8,76	9,82	9,15	7,67	2,86	5,75	0,009138866	3,74	3,82	3,34	0,47	2,36	0,61	0,026068681
Bta12077	UGT	1,49	1,75	1	0,58	0,18	0,95	0,008884977	1,12	0,89	3,89	0,53	0,43	0,75	0,001585898
Bta12269	UGT	0,4	0,53	0,5	0,26	0	0,05	0,005654328	0,29	0,27	0,47	0	0,13	0,09	NA
Bta13757	UGT	7,55	7,02	4,47	19,81	7,46	14,07	0,0000449	16,48	5,12	23,99	9,73	28,88	15,34	0,665654466
Bta14119	UGT	1,48	0,86	1,58	3,65	2,45	2,28	0,002389988	1,8	1,11	1,81	3,7	3,94	1,58	0,143466646
Bta14671	UGT	1,43	1,67	1,56	0,74	0,59	0,64	0,006756014	0,38	0,09	0,3	0,43	0,31	0,44	NA

Titre : Dynamique évolutive des éléments transposables dans le génome de l'aleurode *Bemisia tabaci*

Mots clés : *Bemisia tabaci*, bioinformatique, éléments transposables, évolution, résistance aux insecticides, gènes de résistance, sites d'insertion

Résumé : La mouche blanche, *Bemisia tabaci* est un hémiptère, ravageur des cultures et vecteur de nombreux virus phytopathogènes. Cet insecte a montré une grande adaptabilité et une résistance à presque tous les composés chimiques utilisés pour son contrôle. Dans de nombreux cas, les éléments transposables (TEs) ont contribué à l'évolution de la plasticité génomique de l'hôte. L'objectif de cette thèse est d'étudier les ETs et leurs positions dans les gènes de résistance aux insecticides. Pour ce faire, nous avons tout d'abord annoté le génome de *B. tabaci* en ETs en combinant différentes approches bio-informatique. Les résultats obtenus ont montré que les ETs constituent 51% du génome. Les éléments de la classe I couvrent 5,7 % de la séquence entière du génome de *B. tabaci* et les éléments classe II représentent 16,55 %, alors que la majorité des éléments identifiés repartit sur 28,81 % de la séquence génomique de cet insecte, non pas pu être attribué ni aux éléments de la classe I ni aux éléments de la classe II. Par ailleurs, nous avons recherché des sites d'insertions des ETs dans/ou à proximité des gènes de défense associés à la résistance aux insecticides a révélé 94 sites d'insertion à l'intérieur ou à proximité de 74 gènes codant des enzymes de détoxification sur un total de 647 gènes de défense identifiés dans le génome de *B. tabaci*.

Afin d'étudier l'implication des insertions des ETs dans la résistance aux insecticides chez *B. tabaci*, ces dernières ont été recherchées parmi les gènes différentiellement exprimés (DGEs) précédemment identifiés par Chen et al. (2016). Les résultats ont révélé six insertions des ETs à l'intérieur ou en amont de ces DEGs. Dans une deuxième étape, nous avons effectué une analyse des transposons de type Mariner et leurs MITEs dérivés chez l'aleurode *B. tabaci*. Cette étude a permis d'identifier de 550 séquences subdivisées en 294 éléments mauritiana et 256 éléments irritans. Parmi ces éléments deux MLEs complets ont été identifiés, Btmar1.1 et Btmar2.1 appartenant à la sous famille mauritiana et irritans, respectivement. L'étude de l'expression différentielle des deux MLEs complets dans le génome de *B. tabaci* suite à l'acquisition du Tomato Yellow Leaf Curl Virus a révélé que Btmar1.1 et Btmar2.1 sont exprimés. La recherche des MITEs dans le génome MEAM1/B a conduit à l'identification de 8024 familles de MITEs. Parmi elles, 1030 familles MITEs appartiennent à la superfamille Tc1/marineur irritans. Ce travail fournit les premières connaissances concernant la diversité des ETs et MITEs chez ce ravageur et leurs insertions dans les gènes du défense.

Title: Evolutionary dynamics of transposable elements in the genome of the whitefly *Bemisia tabaci*

Keywords : *Bemisia tabaci*, bio-informatic, Transposable elements, evolution, insecticidesresistance, defensome genes, insertion sites

Abstract : The whitefly, *Bemisia tabaci*, is a hemipteran, a crop pest and vector of many phytopathogenic viruses. This insect has shown great adaptability and resistance to almost all chemical compounds used for its control. In many cases, transposable elements (TEs) have contributed to the evolution of host genomic plasticity. The aim of this thesis is to study TEs and their positions in insecticide resistance genes. To do so, we first annotated the ETs in *B. tabaci* genome by combining different bioinformatics approaches. The results showed that ETs constitute 51% of the genome. Class I elements cover 5.7% of the whole genome sequence of *B. tabaci* and class II elements represent 16.55%, while most of the identified elements spread over 28.81% of the genomic sequence of this insect, could not be attributed to either class I or class II elements. In addition, we studied the insertion sites of ETs in or near defense genes associated with insecticide resistance. These analyses revealed 94 insertion sites in or near 74 genes encoding detoxification enzymes out of a total of 647 defense genes identified in the genome of *B. tabaci*. to investigate the involvement of ETs insertions with insecticide resistance in *B. tabaci*,

we searched among the differentially expressed genes (DGEs) previously identified by Chen et al. (2016). The results revealed six insertions of ETs within or upstream of these DEGs. In a second step, we performed an analysis of Mariner-like transposons and their derived MITEs in the whitefly *B. tabaci*. This study led to the identification of 550 sequences subdivided into 294 mauritiana elements and 256 irritans elements. Among these elements two complete MLEs were identified, Btmar1.1 and Btmar2.1 belonging to the mauritiana and irritans subfamilies, respectively. The study of the differential expression of the two complete MLEs in the genome of *B. tabaci* upon the acquisition of Tomato Yellow Leaf Curl Virus revealed that Btmar1.1 and Btmar2.1 are expressed. The search for MITEs in the MEAM1/B genome led to the identification of 8024 MITE families. Among them, 1030 MITEs families belong to the Tc1/marineur irritans superfamily. This work provides the first knowledge about the diversity of ETs and MITEs in this pest and their insertions in defense genes.