

Aspects génétiques et historiques des invasions biologiques

Une illustration avec la
Chrysomèle des racines du Maïs

Eric Lombaert, Emeline Deleury

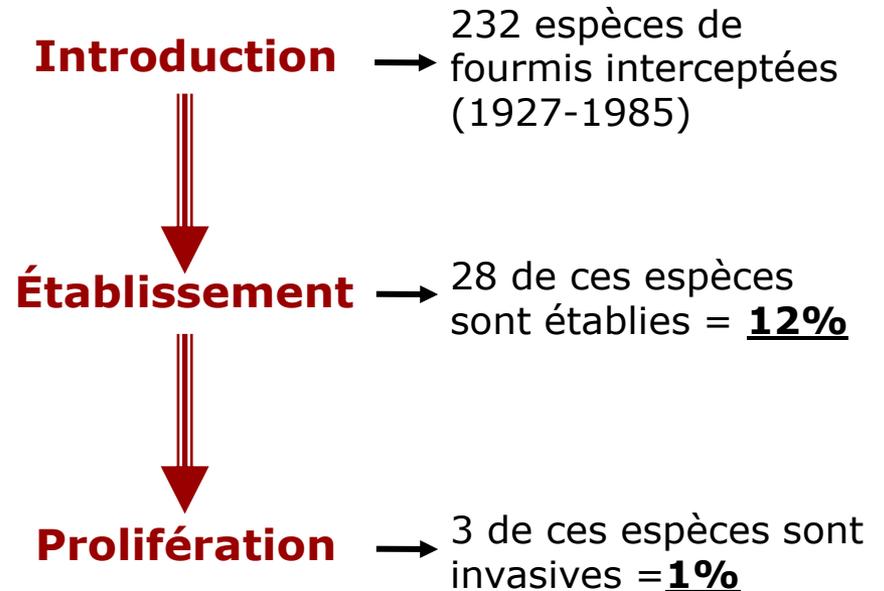
Contexte : facteurs de succès d'une invasion

il y a **invasion biologique** lorsque des organismes sont introduits dans une nouvelle aire géographique s'y établissent puis y prolifèrent.

(Elton, 1958 ; Mack *et al.* 2000 ; Colautti & MacIsaac, 2004)

En fait : succès invasif rare

- Règle des 10%: "Among the species which arrive in a new location, only few persist and even less spread" (Williamson & Fitter 1996)
- Ex : faible succès des fourmis aux Etats-Unis (Suarez *et al.* 2005)



Contexte : facteurs de succès d'une invasion

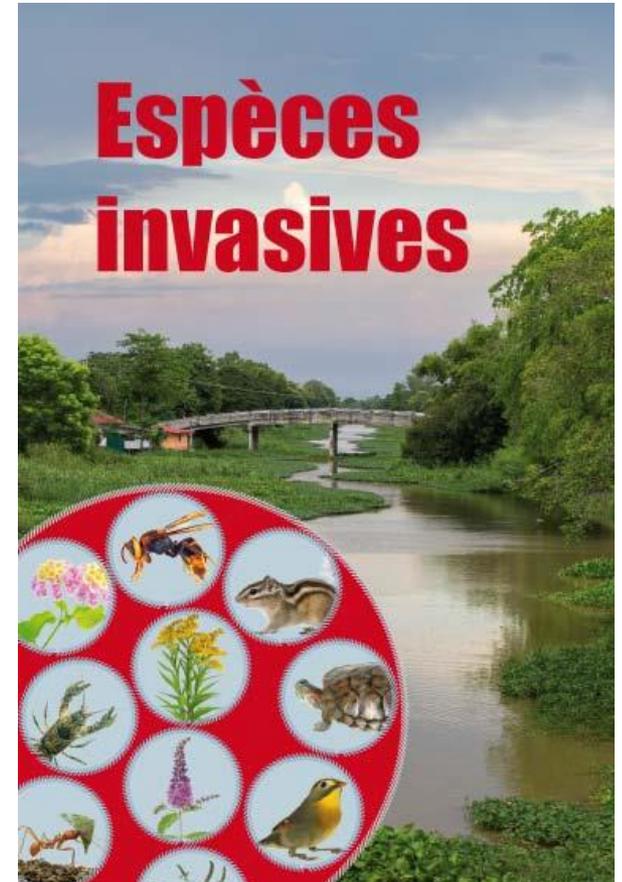
Des barrières à franchir :

- Barrières écologiques (nouvel environnement...)
- Barrières géographiques (migration, transport...)
- Barrières de reproduction (goulot d'étranglement...)

Principale question en biologie de l'invasion :

➤ **Quels sont les facteurs de succès (et d'échec) des invasions biologiques ?**

La **génétique** et la **biologie évolutive** apportent des éléments de réponse et de réflexion.



Contexte : facteurs de succès d'une invasion

Utilisation de la génétique pour comprendre une invasion biologique :

Illustration avec une espèce envahissante emblématique, la **Chrysomèle des racines du Maïs** *Diabrotica virgifera virgifera* (DvV)



I. Invasion biologique : une histoire d'adaptation ?

Brève histoire du Maïs en Amérique du Nord

Entre -2500 et -1000 :
introduction au sud des USA



400 km

Entre -10000 et -6700 :
domestication du maïs

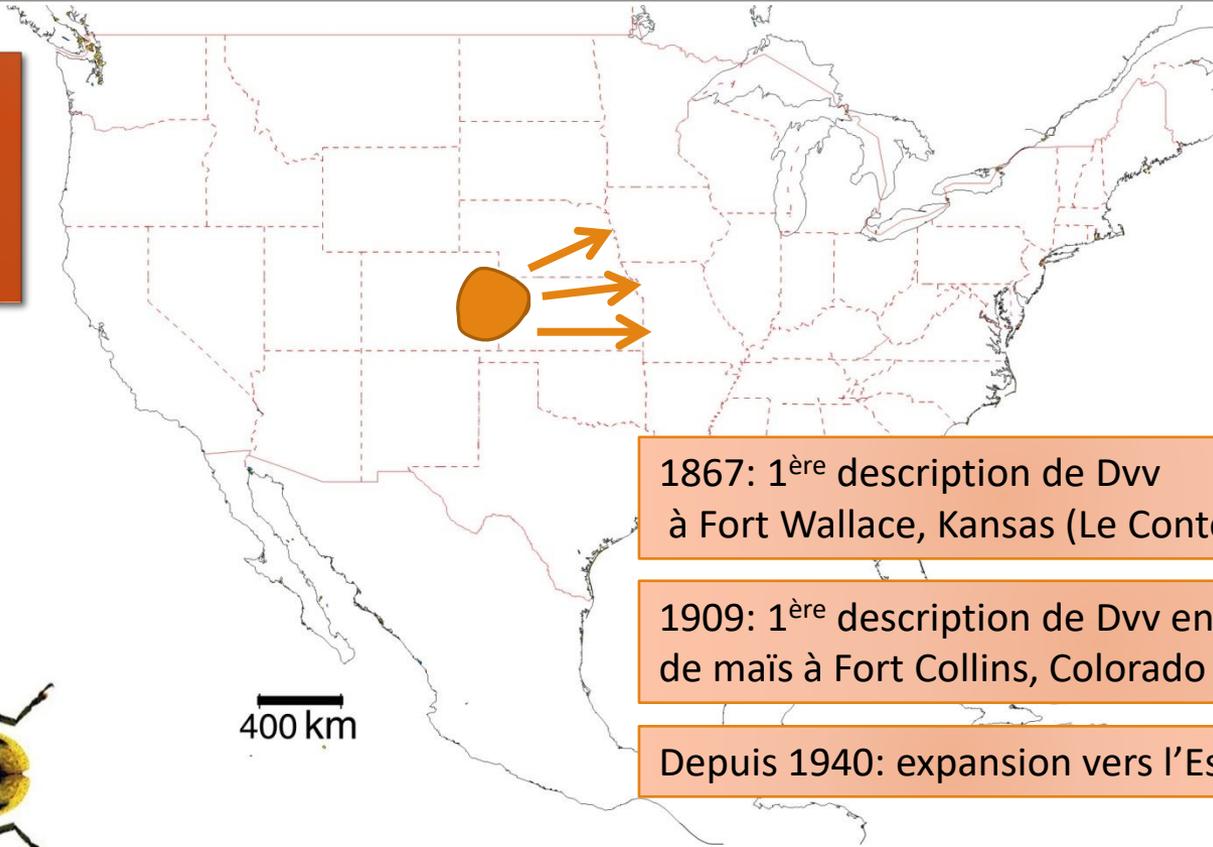
Entre 0 et 1000 :
Propagation en Amérique du Nord

19^{ème} siècle:
Forte croissance
de la culture du
Maïs

(Krystan & Smith 1987 ; Fritz 1990 ; Tenaillon & Charcosset 2011)

I. Invasion biologique : une histoire d'adaptation ?

Brève histoire de DvV en Amérique du Nord

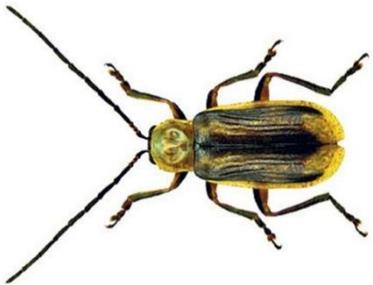


Cucurbita foetida

1867: 1^{ère} description de DvV à Fort Wallace, Kansas (Le Conte 1868)

1909: 1^{ère} description de DvV en tant que ravageur de maïs à Fort Collins, Colorado

Depuis 1940: expansion vers l'Est



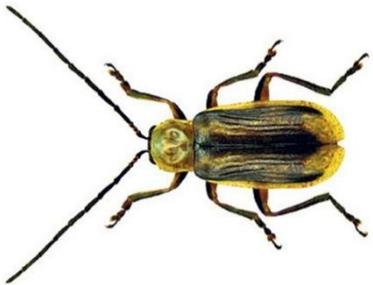
(Melhus Branson & Krystan 1981 ; Krystan & Smith 1987 ; Gray et al 2009)

I. Invasion biologique : une histoire d'adaptation ?

Brève histoire de Dvv en Amérique du Nord

Origine de Dvv ?

- USA, Mexique, Guatemala?
- Quelle plante hôte ?



400 km

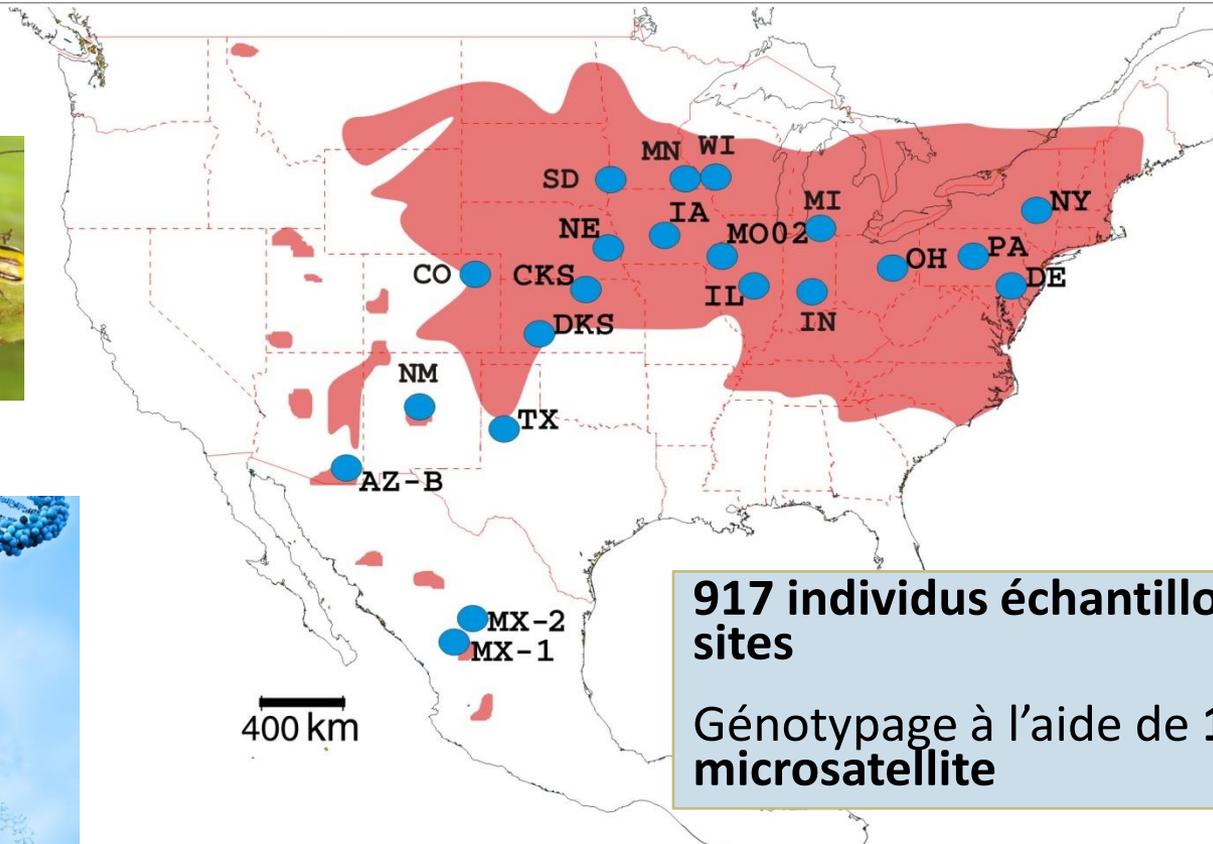
1867: 1^{ère} description de Dvv à Fort Wallace, Kansas (Le Conte 1868)

1909: 1^{ère} description de Dvv en tant que ravageur de maïs à Fort Collins, Colorado

Depuis 1940: expansion vers l'Est

(Melhus Branson & Krystan 1981 ; Krystan & Smith 1987 ; Gray et al 2009)

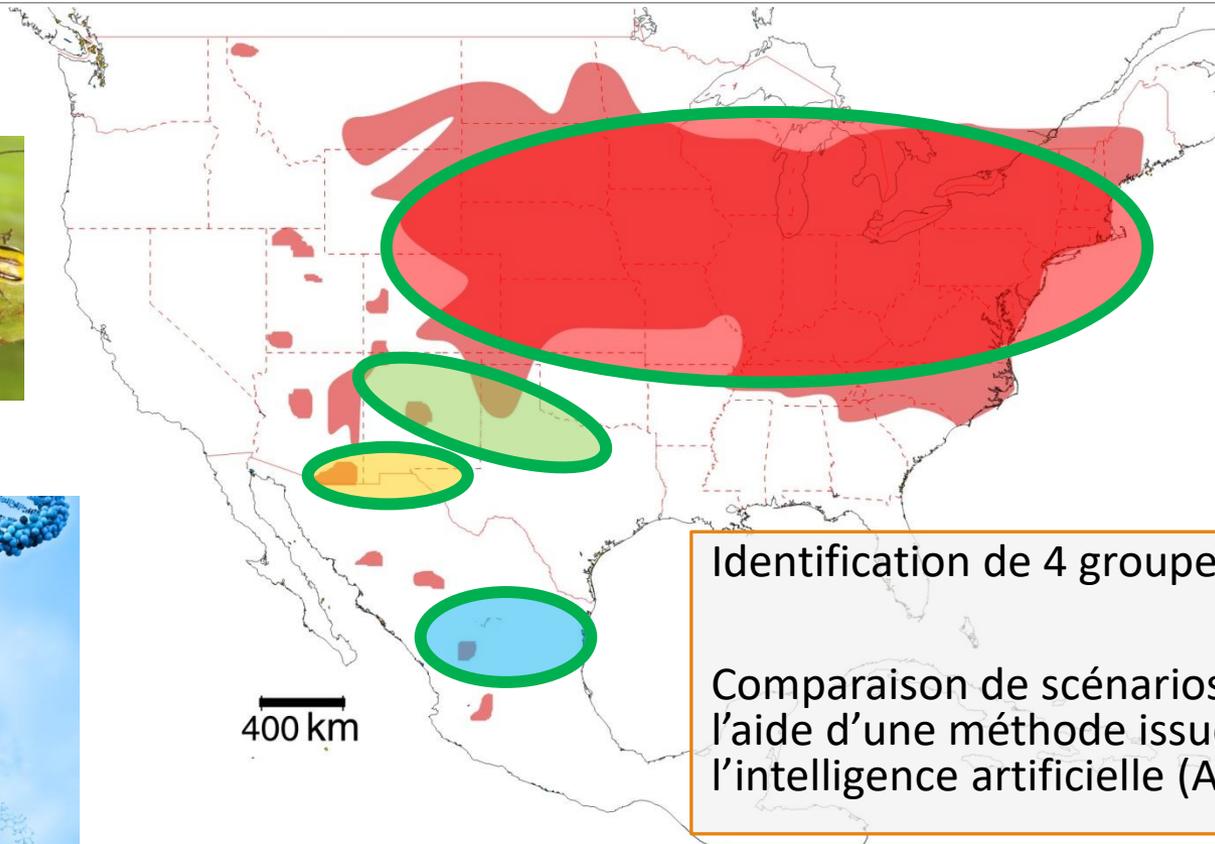
I. Invasion biologique : une histoire d'adaptation ?



917 individus échantillonnés dans 21 sites
Génotypage à l'aide de 13 marqueurs microsatellite

(Kim & Sappington 2005 ; Ciosi *et al.* 2008 ; Kim *et al.* 2008 ; Coates *et al.* 2009)

I. Invasion biologique : une histoire d'adaptation ?



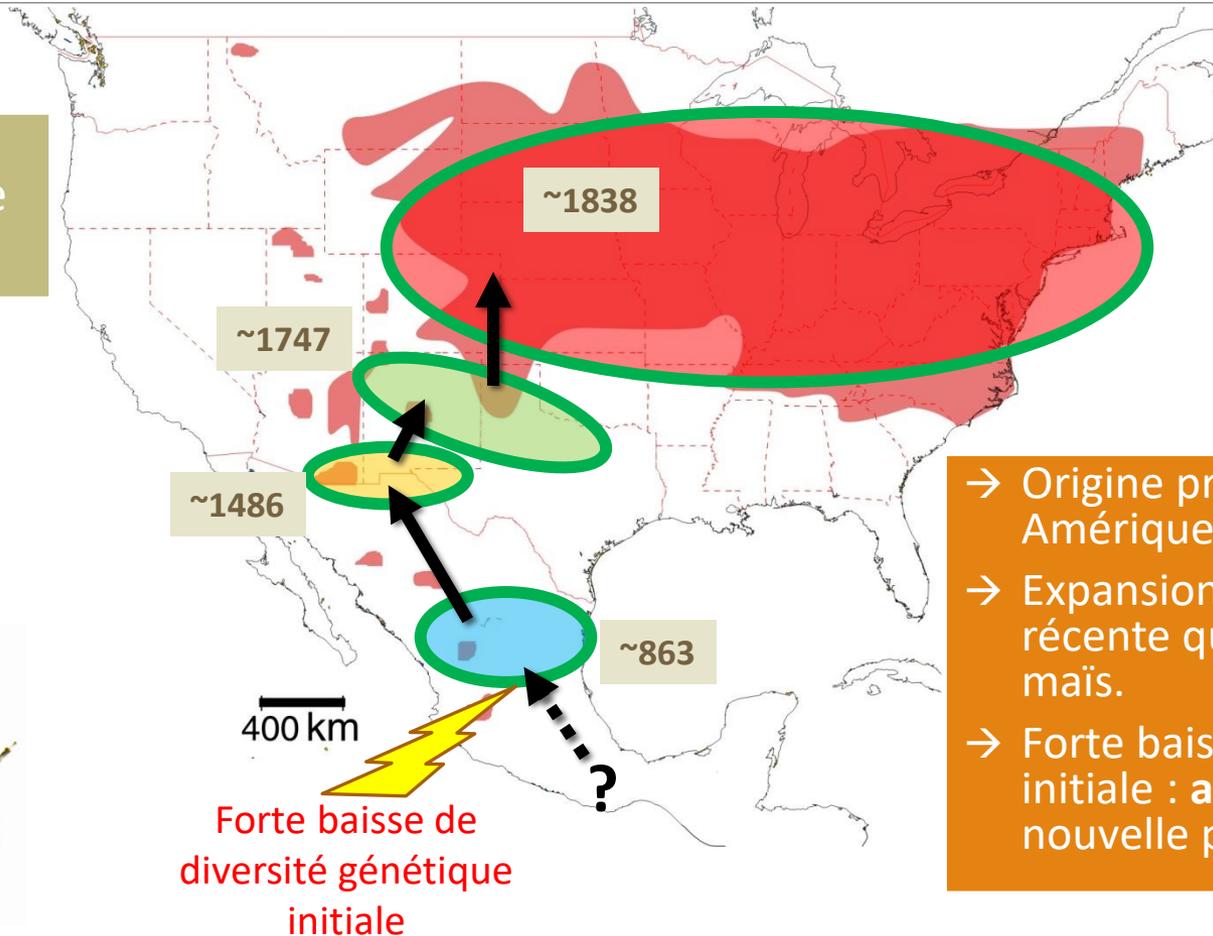
Identification de 4 groupes génétiques.

Comparaison de scénarios évolutifs à l'aide d'une méthode issue de l'intelligence artificielle (ABC-RF).

(Lombaert et al. 2018)

I. Invasion biologique : une histoire d'adaptation ?

Scénario de colonisation le plus probable



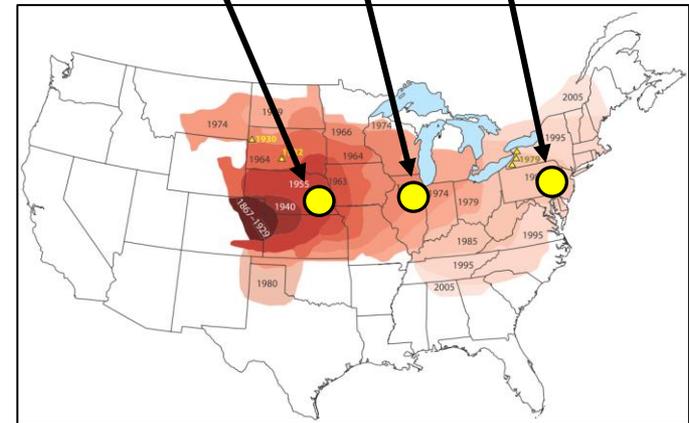
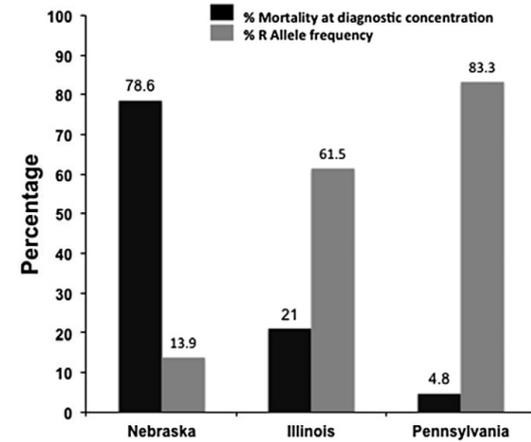
- Origine probable : Amérique centrale.
- Expansion beaucoup plus récente que celle du maïs.
- Forte baisse de diversité initiale : **adaptation** à une nouvelle plante hôte ?

(Lombaert et al. 2018)

I. Invasion biologique : une histoire d'adaptation ?

Les populations envahissantes s'adaptent toujours :

Gradient génétique et phénotypique Ouest-Est de baisse de susceptibilité aux insecticides cyclodiènes.

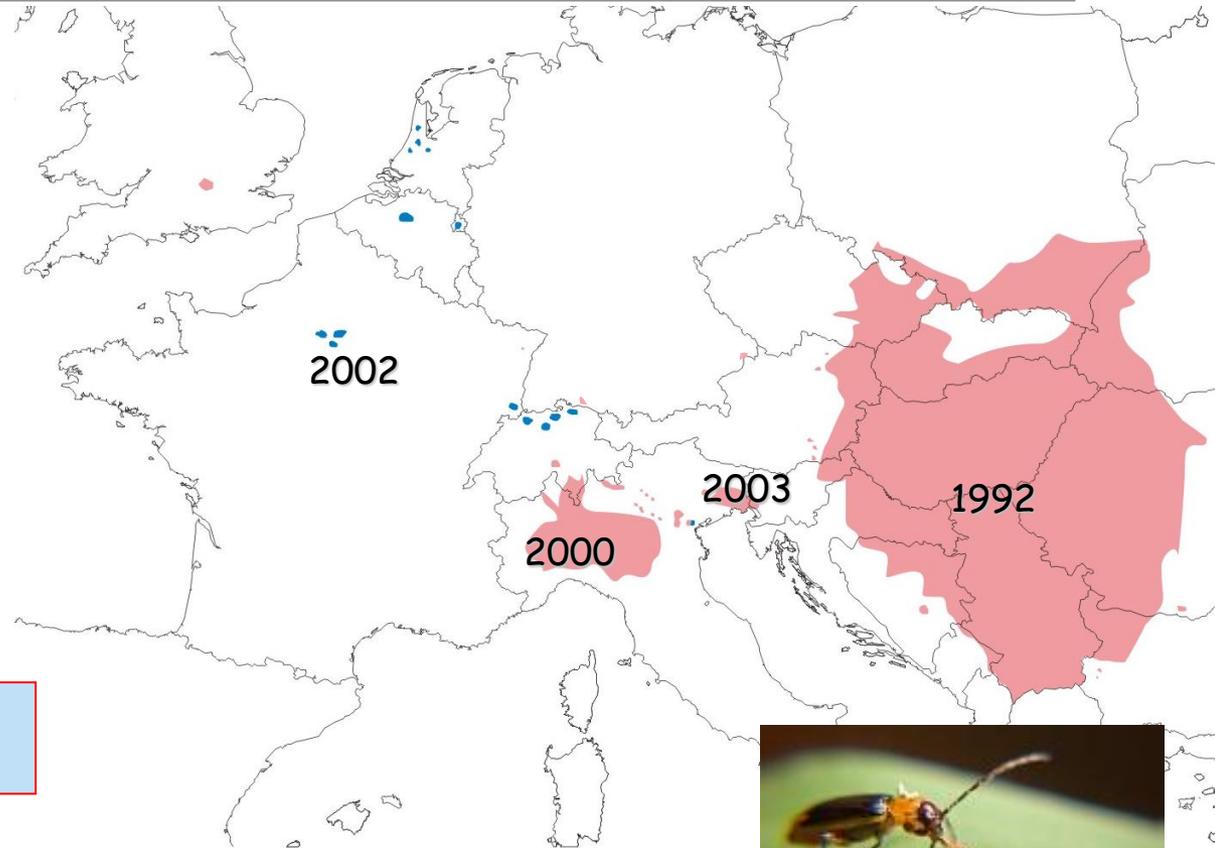


Wang et al. (2013) *Insect Molecular Biology*, **22**, 473–484

II. Invasion biologique : une histoire de migration ?

Historique de l'invasion en Europe :

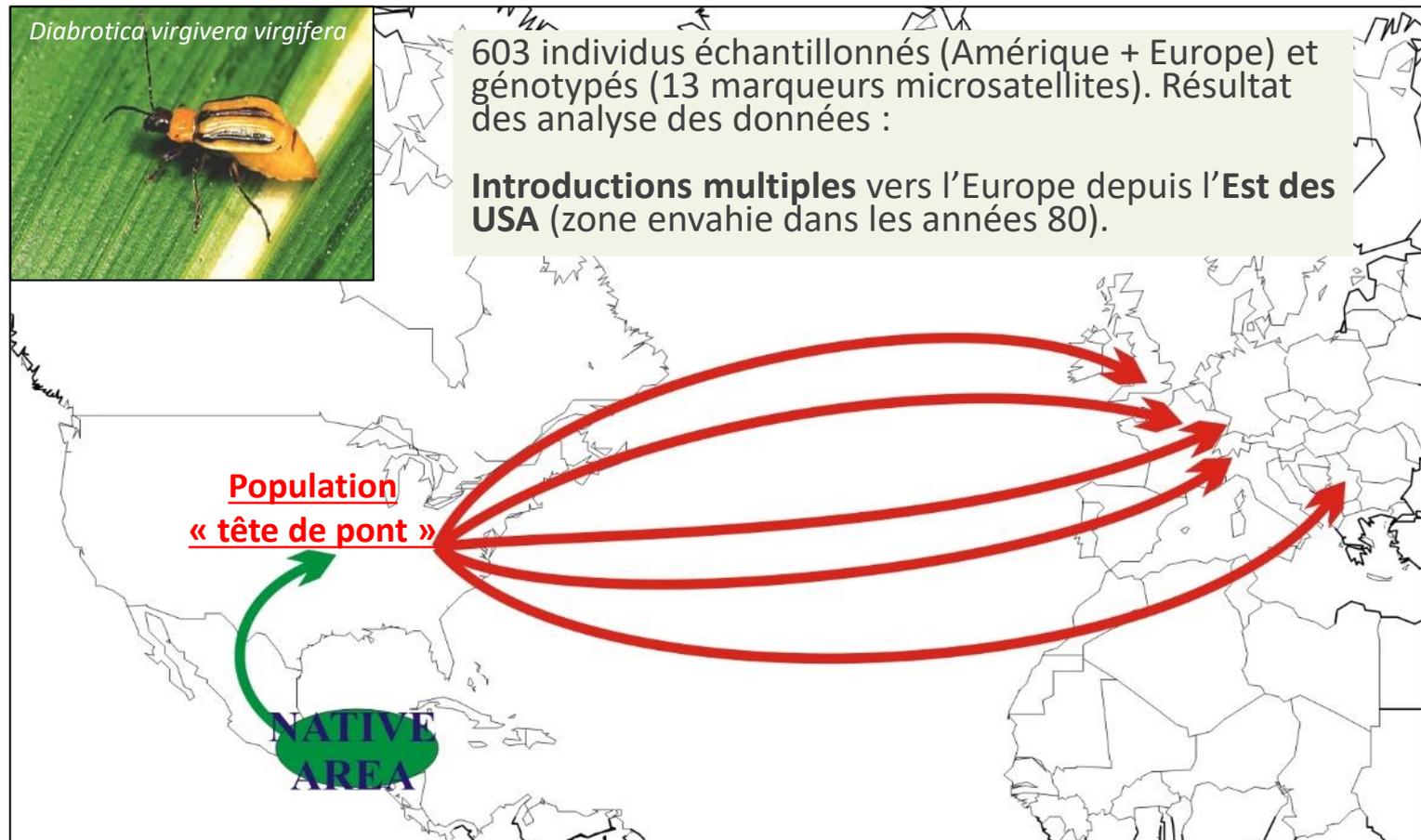
- Europe centrale (Belgrade) 1992
- Puis Italie, France, etc.



**Introduction unique ?
Origine géographique ?**

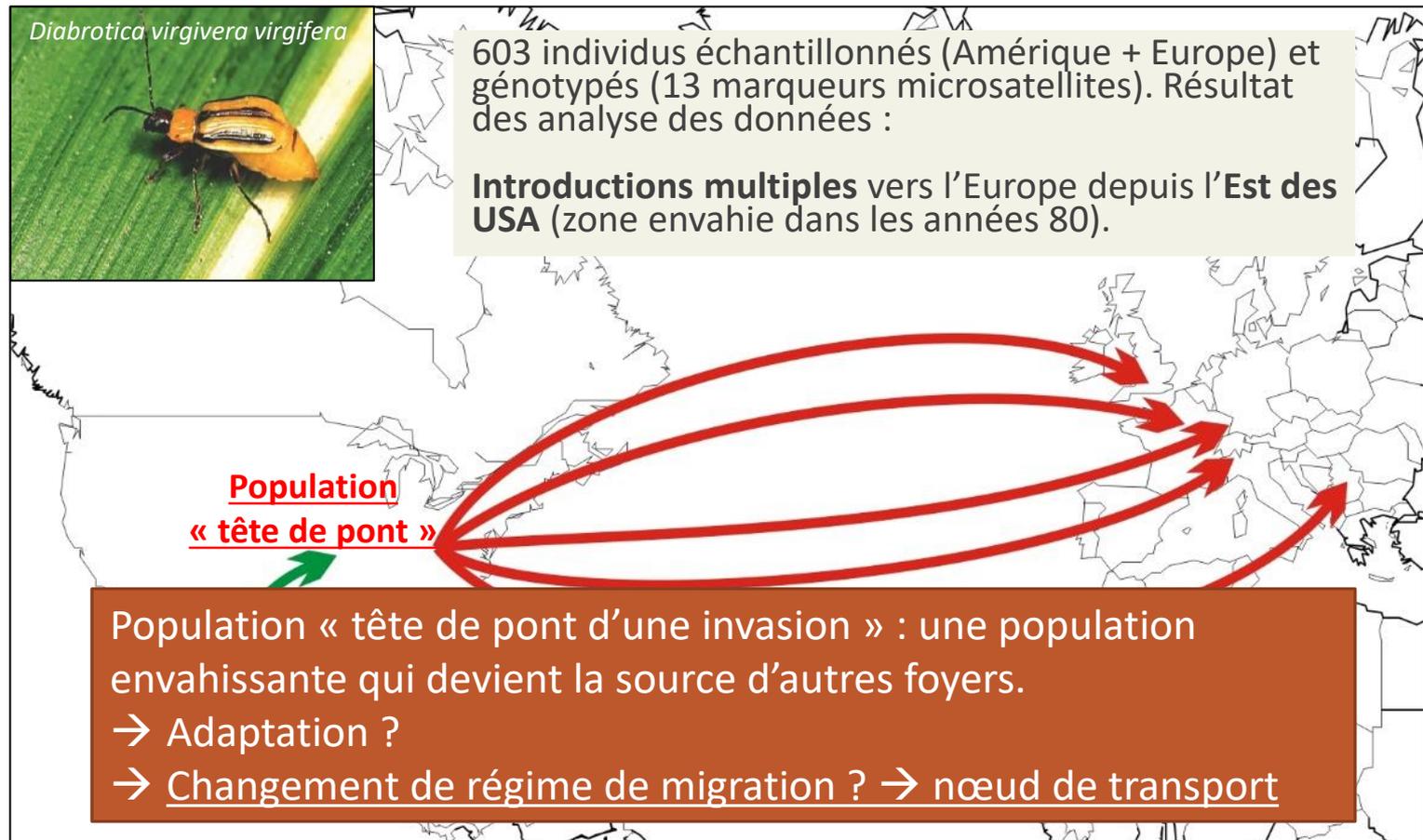


II. Invasion biologique : une histoire de migration ?



Ciosi et al. (2008) *Molecular Ecology*, 17, 3614–3627

II. Invasion biologique : une histoire de migration ?

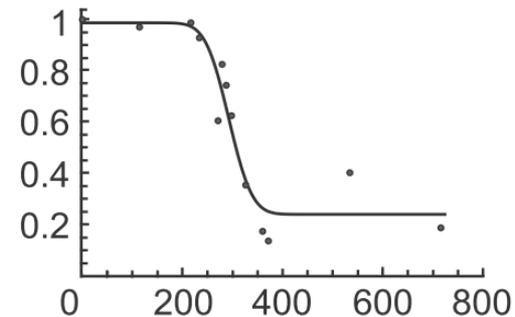
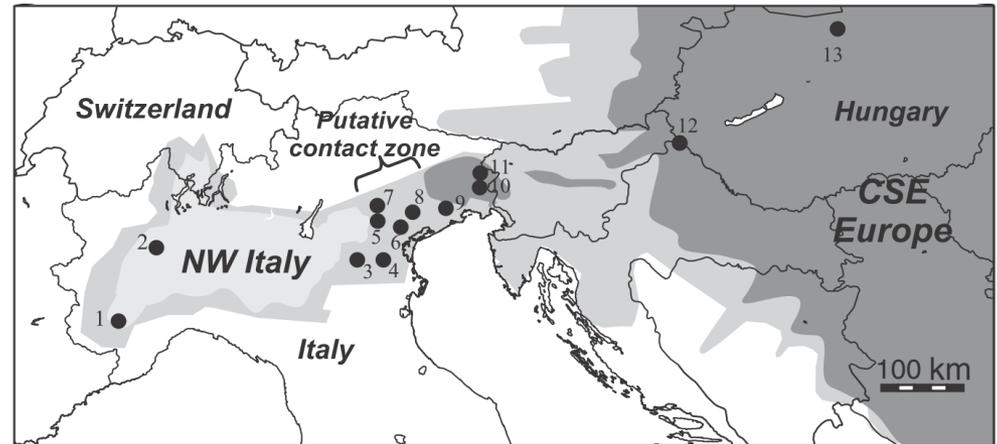


Ciosi et al. (2008) *Molecular Ecology*, 17, 3614–3627

II. Invasion biologique : une histoire de migration ?

Etude d'une zone de contact entre deux foyers Européens

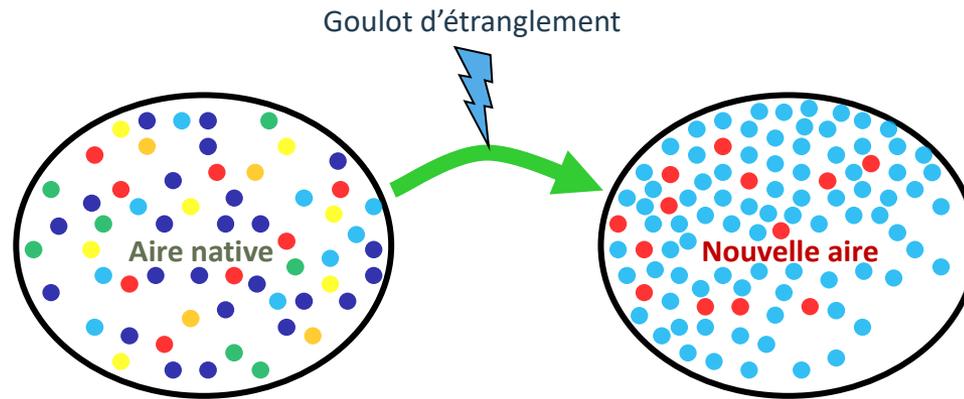
- Génotypages de populations de chacun des foyers et de la zone de contact
- Analyse des clines de fréquences alléliques
- Théorie des clines : estimation d'une migration naturelle d'environ **20km par génération**



Migration naturelle non négligeable

Bermond et al. (2013) *Molecular Ecology*, **22**, 5368–5281

III. Invasion biologique : une histoire de hasard ?



Invasions biologiques : succès malgré diminution de la diversité génétique

→ Paradoxe évolutif ?

Quelle hypothèse ?



La purge des allèles délétères

III. Invasion biologique : une histoire de hasard ?

➤ Les **mutations délétères** qui constituent le **fardeau génétique** sont généralement peu fréquentes (donc à l'état hétérozygote) et récessives.

➡ Le fardéau génétique s'exprime peu (sauf croisements consanguins)

Invasion → Goulot d'étranglement
→ Augmentation homozygotie + Sélection

➡ **Purge du fardéau génétique ?**

III. Invasion biologique : une histoire de hasard ?

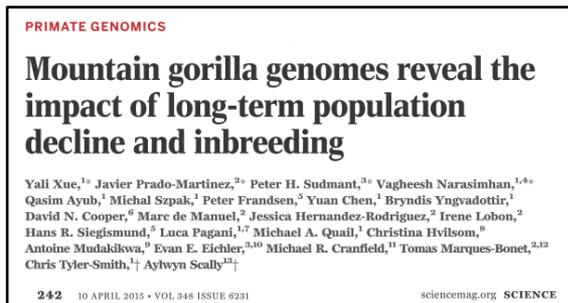
Xue *et al.* (2015, *Science*): Quantification et comparaison des mutations délétères du gorille des plaines (*Gorilla gorilla*) et du gorille des montagnes (*Gorilla beringei*).

Séquençage de l'exome (partie codante du génome)

Caractérisation des mutations délétères au sein des sous-espèces

Gorille des montagnes : fixation du fardeau génétique « léger »

Gorille des montagnes : purge du fardeau génétique « lourd »



Faible déclin démographique

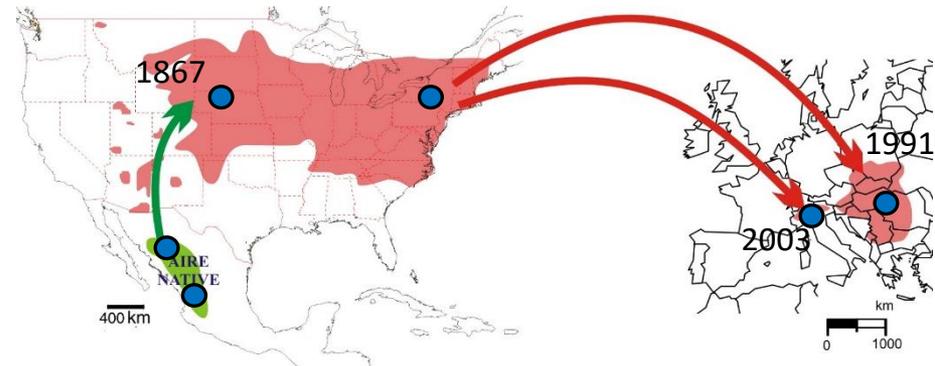


Fort déclin démographique

III. Invasion biologique : une histoire de hasard ?

1. Echantillonnage

- 2 populations natives
- 4 populations invasives



III. Invasion biologique : une histoire de hasard ?

2. Séquençage



- Séquençage de la partie codante du génome (= exome)
- Recherche de polymorphisme



105 784 SNPs biallélique

Pour chaque SNP : quel est l'allèle ancestral ?
Quel est l'allèle dérivé ?
→ **Comment polariser les SNPs ?**

III. Invasion biologique : une histoire de hasard ?

Pour polariser les SNPs :

3. Polarisation des SNPs

- Séquençage d'exome de 4 espèces proches.
- Inférence basée sur la phylogénie.



III. Invasion biologique : une histoire de hasard ?

4. Annotation des SNPs



- Mutations **synonymes** :
l'acide aminé ne change pas. A priori neutre.
- Mutations **non-synonymes** :
l'acide aminé change. Potentiellement délétère.

III. Invasion biologique : une histoire de hasard ?

Utilisation d'une statistique prenant en compte la dérive génétique (à l'aide des mutation synonymes) et les fréquences alléliques:

RAB: nombre relatif d'allèle délétères fréquents dans une population et pas dans une autre (Xue et al. 2015; Narasimhan et al. 2016)

RAB > 1 → fixation du fardeau génétique dans la population A

RAB < 1 → purge du fardeau génétique dans la population A

$$L_{A,B}(C) = \frac{\sum_{i \in C} p_i^A q_i^B}{\sum_{i \in C} p_i^B q_i^A}$$

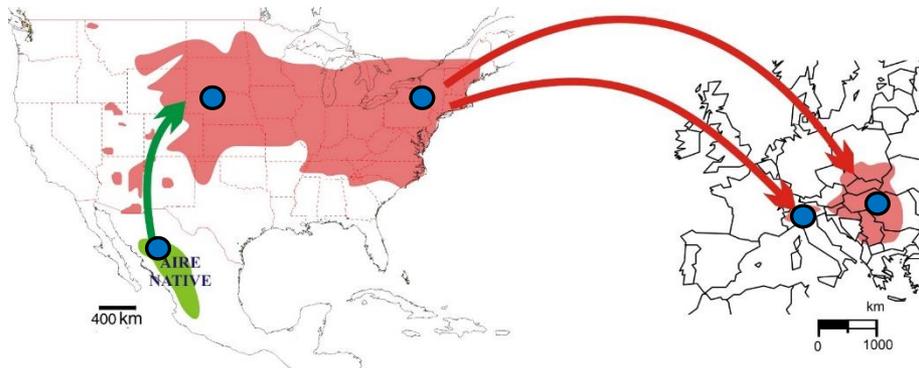
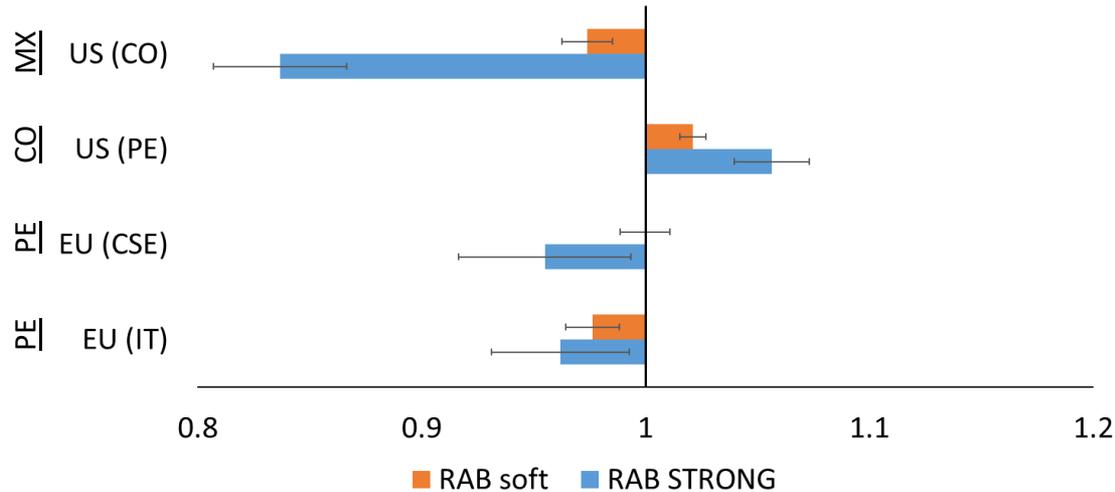
$$L_{A,B}(S) = \frac{\sum_{j \in S} p_j^A q_j^B}{\sum_{j \in S} p_j^B q_j^A}$$

Classification des mutations non-synonymes en deux groupes :

- “soft” : position nucléotidique trouvée dans peu d'espèces.
- “STRONG” : position nucléotidique trouvée dans beaucoup d'espèces.

$$R_{A/B} = \frac{L_{A,B}(C)}{L_{A,B}(S)}$$

III. Invasion biologique : une histoire de hasard ?



- Purge du fardeau surtout lors de l'invasion initiale au Colorado ?
- USA: « fardeau d'expansion » ?

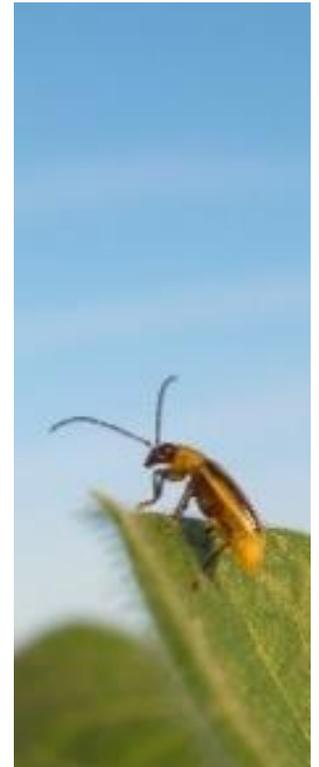
Conclusion et perspective

Dans le cadre des invasions biologiques, **les outils génétiques constituent des outils de choix** pour tenter de répondre aux questions « comment ? » et « pourquoi ? » :

- **Histoire** des invasions.
- **Adaptation / Démographie.**
- Rôle du **hasard.**

Réponses encore imparfaites, mais des perspectives prometteuses :

- Méthodes **NGS** (next generation sequencing) : nombre de marqueurs génétiques augmente.
- **Séquenceurs** de plus en plus fiables.
- **Prix des séquençages** de plus en plus faibles.
- **Assemblage de génome** devenu accessible (ex : 2-4 semaines, 5000€) → notion d'espèce « non-modèle » disparaît.
- Approche dite « **full-genome** » (WGS) envisageable sur presque n'importe quelle espèce.



Merci pour
votre attention

