


# 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)

**Introduction**

→ 232 espèces de fourmis interceptées (1927-1985)

**Établissement**

→ 28 de ces espèces sont établies = **12%**

**Prolifération**

→ 3 de ces espèces sont invasives = **1%**



# Contexte : facteurs de succès d'une invasion

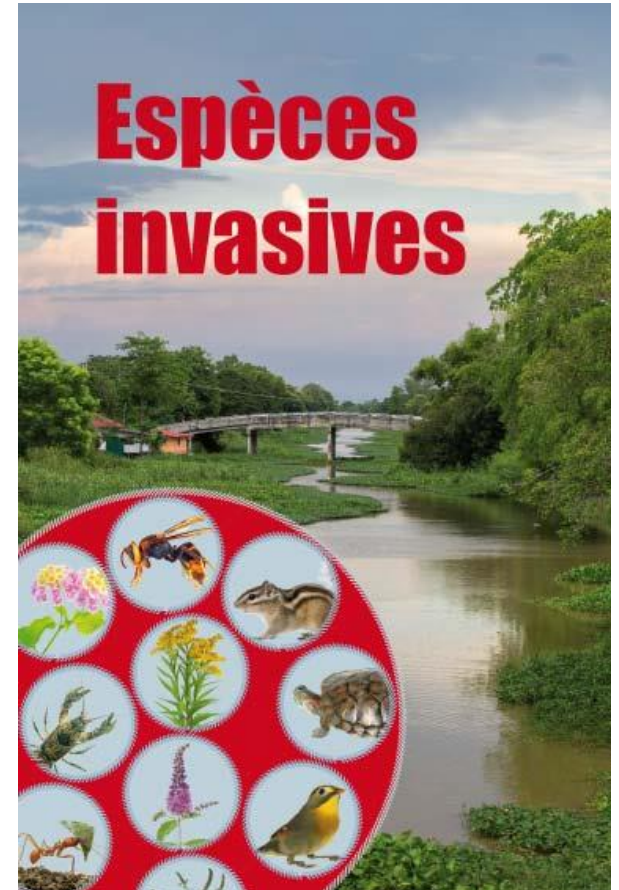
Des barrières à franchir :

- 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

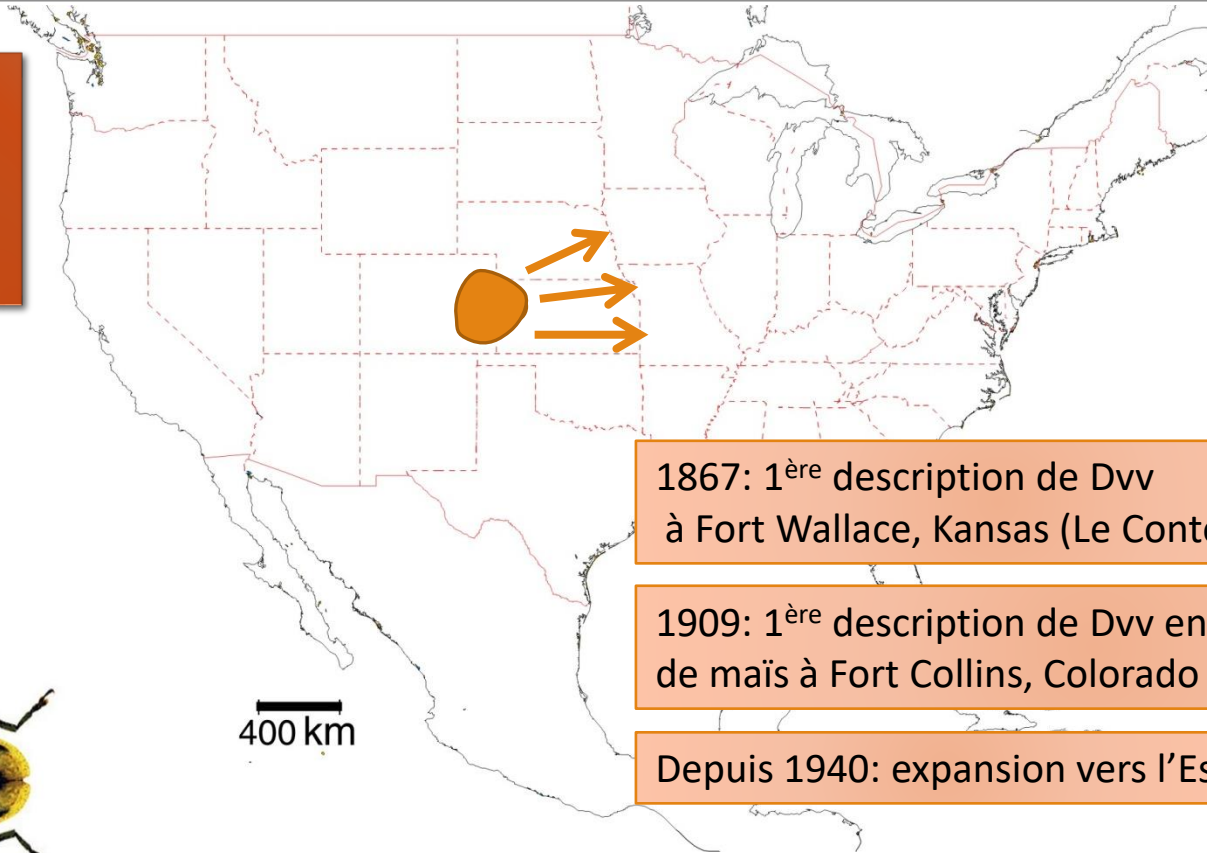
Entre 0 et 1000 :  
Propagation en Amérique du Nord

19<sup>ème</sup> 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

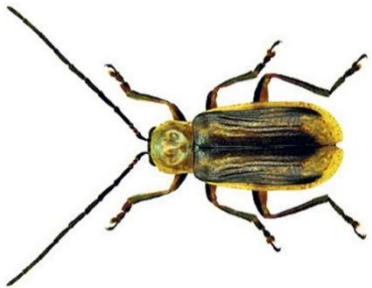


*Cucurbita foetida*

1867: 1<sup>ère</sup> description de Dvv à Fort Wallace, Kansas (Le Conte 1868)

1909: 1<sup>ère</sup> description de Dvv en tant que ravageur de maïs à Fort Collins, Colorado

Depuis 1940: expansion vers l'Est



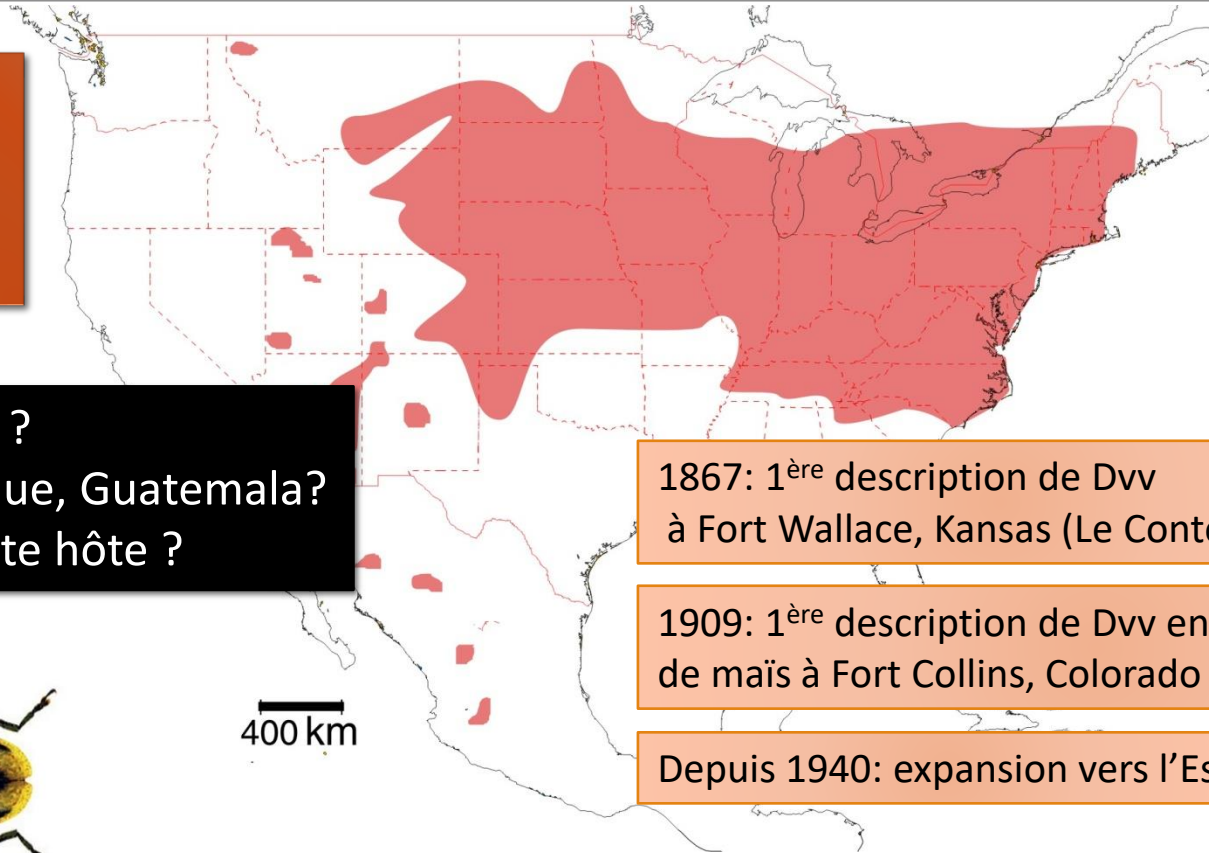
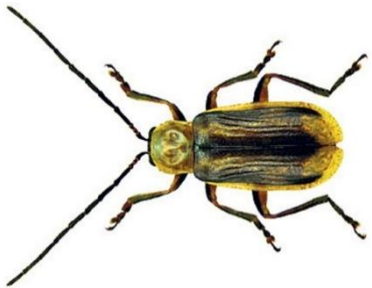
(Melhus Branson & Krystan 1981 ; Krystan & Smith 1987 ; Gray et al 2009)

# I. Invasion biologique : une histoire d'adaptation ?

Brève histoire de DvV en Amérique du Nord

Origine de DvV ?

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



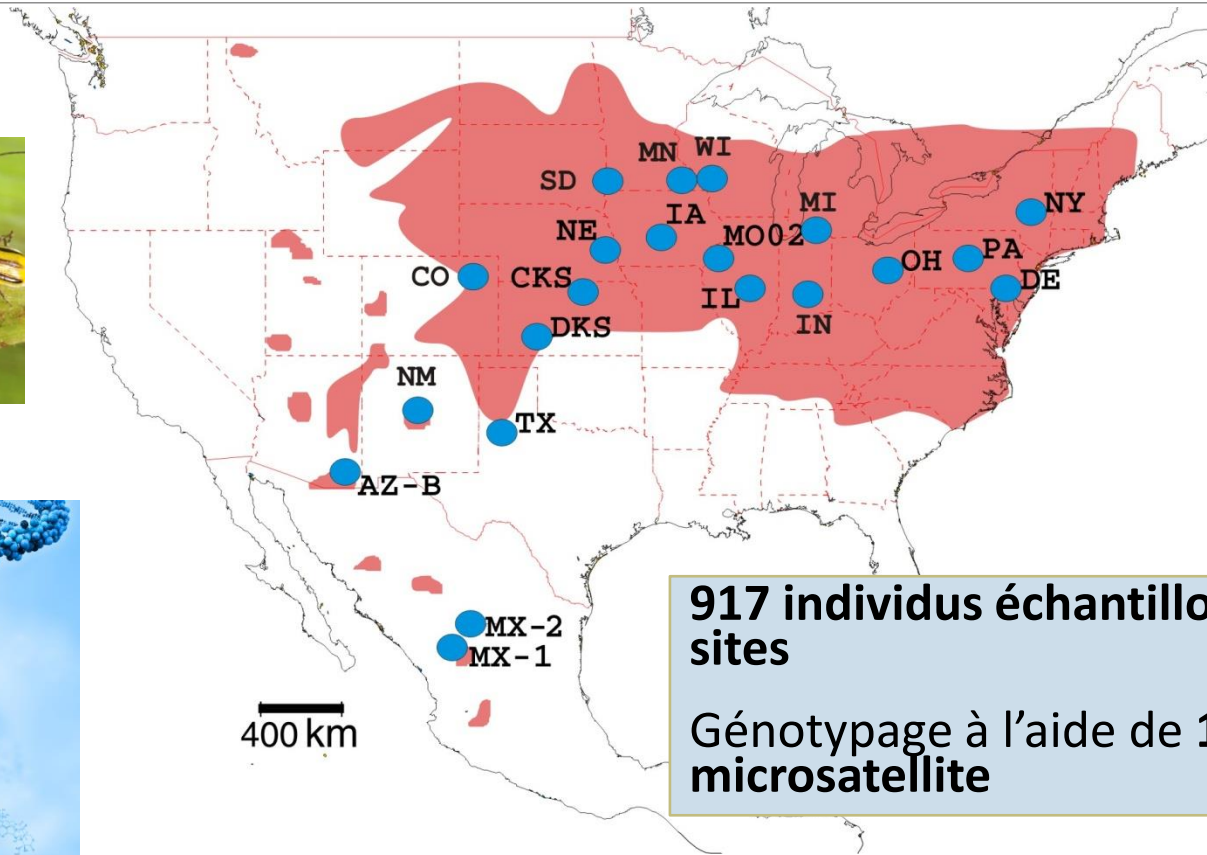
1867: 1<sup>ère</sup> description de DvV à Fort Wallace, Kansas (Le Conte 1868)

1909: 1<sup>ère</sup> 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 ?

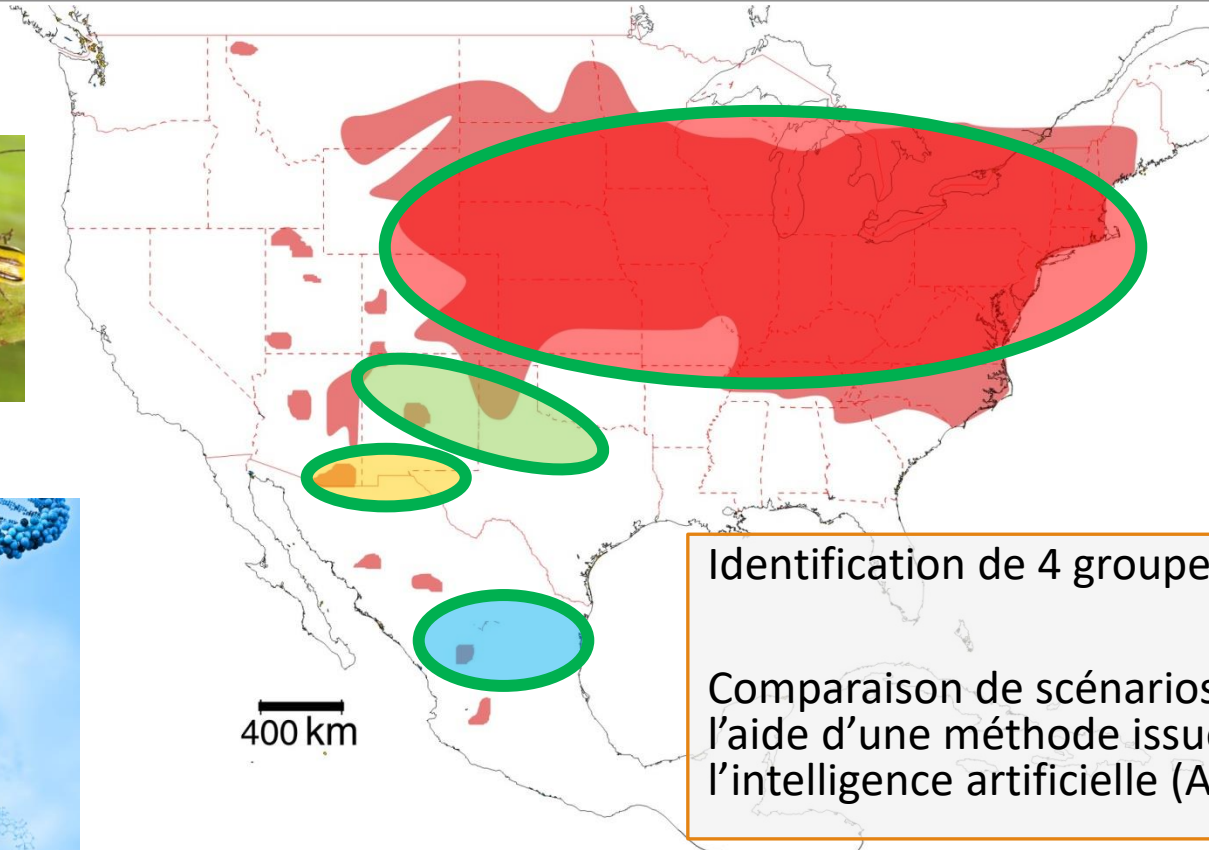


**917 individus échantillonnés dans 21 sites**  
**Génotypage à l'aide de 13 marqueurs microsatellite**

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



# I. Invasion biologique : une histoire d'adaptation ?



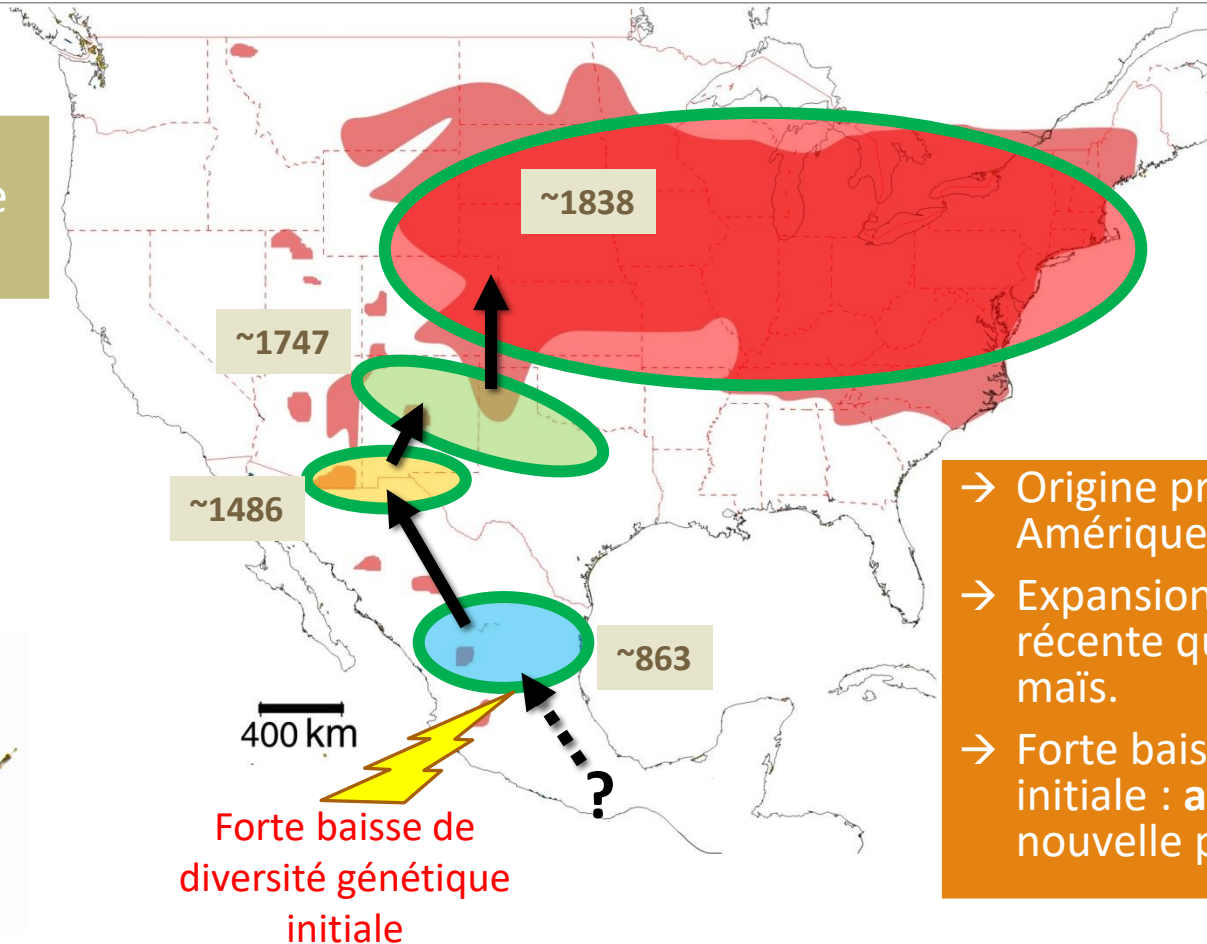
Identification de 4 groupes génétiques.

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



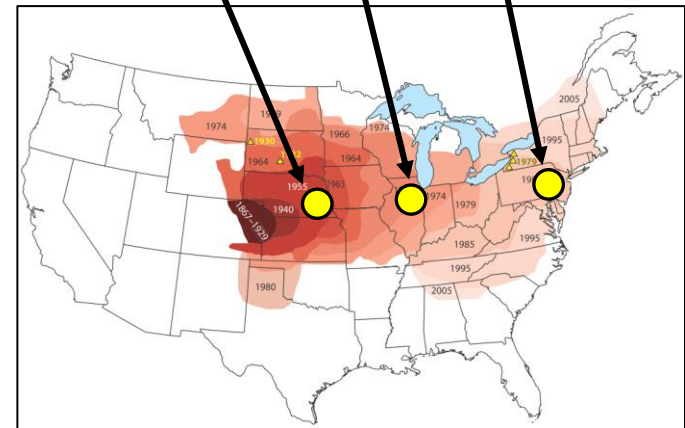
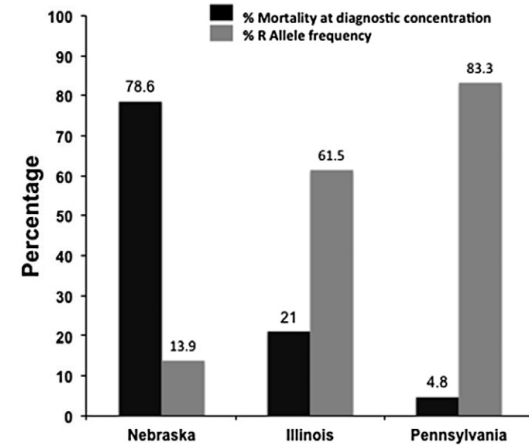
- Origine probable : Amérique centrale.
- Expansion beaucoup plus récente que celle du maïs.
- Forte baisse de diversité initiale : **adaptation** à une nouvelle plante hôte ?

(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.

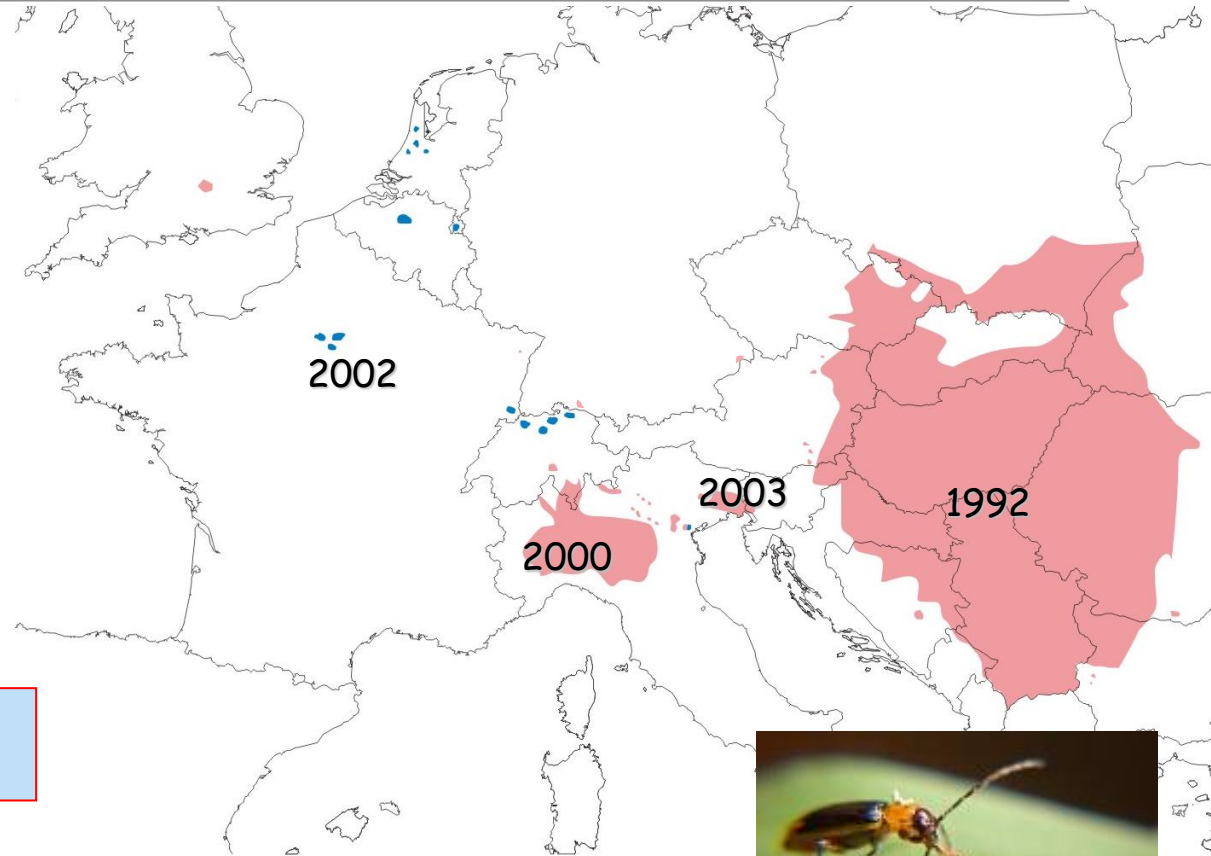


Wang et al. (2013) *Insect Molecular Biology*, 22, 473–484

# II. Invasion biologique : une histoire de migration ?

## Historique de l'invasion en Europe :

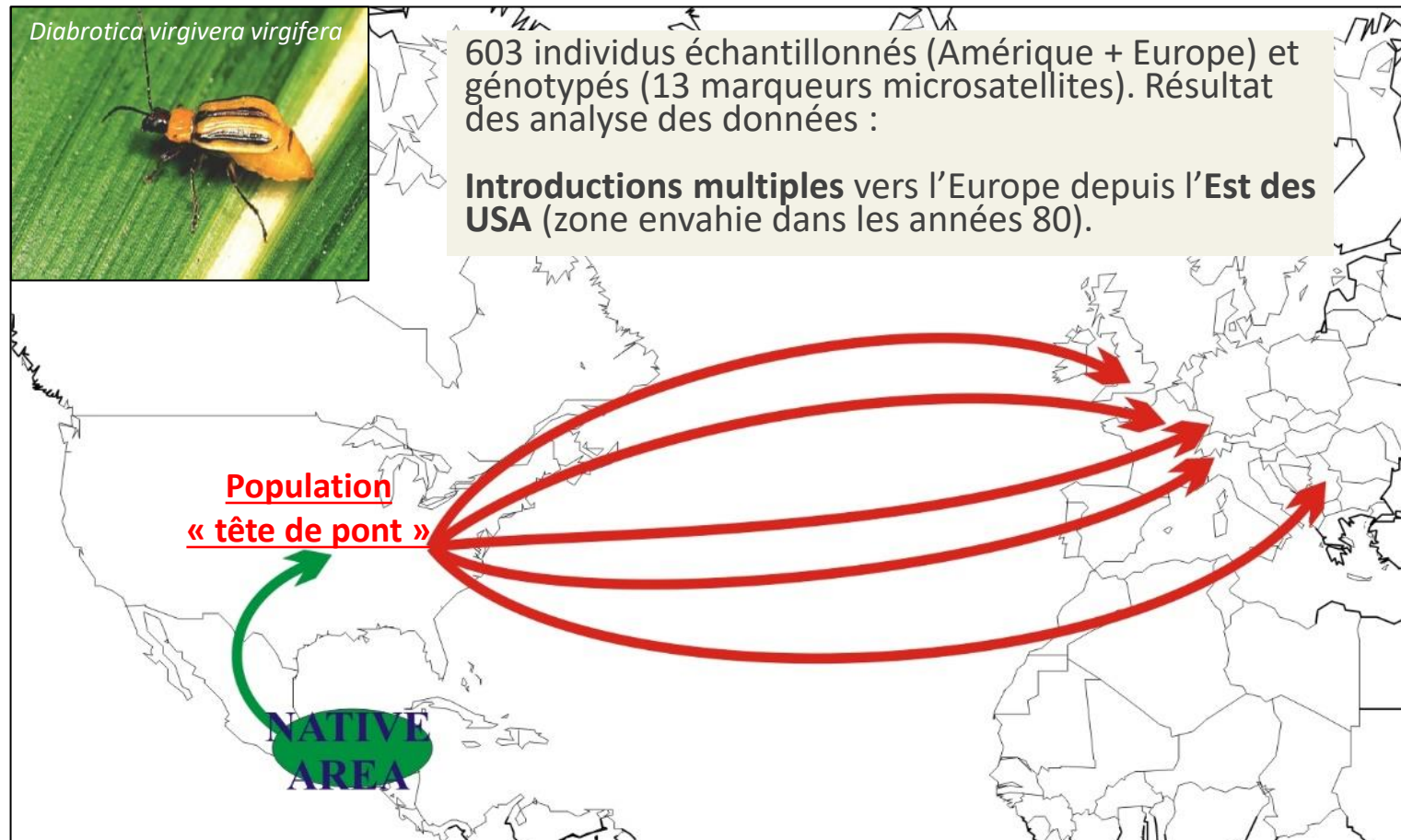
- Europe centrale (Belgrade) 1992
- Puis Italie, France, etc.



**Introduction unique ?  
Origine géographique ?**

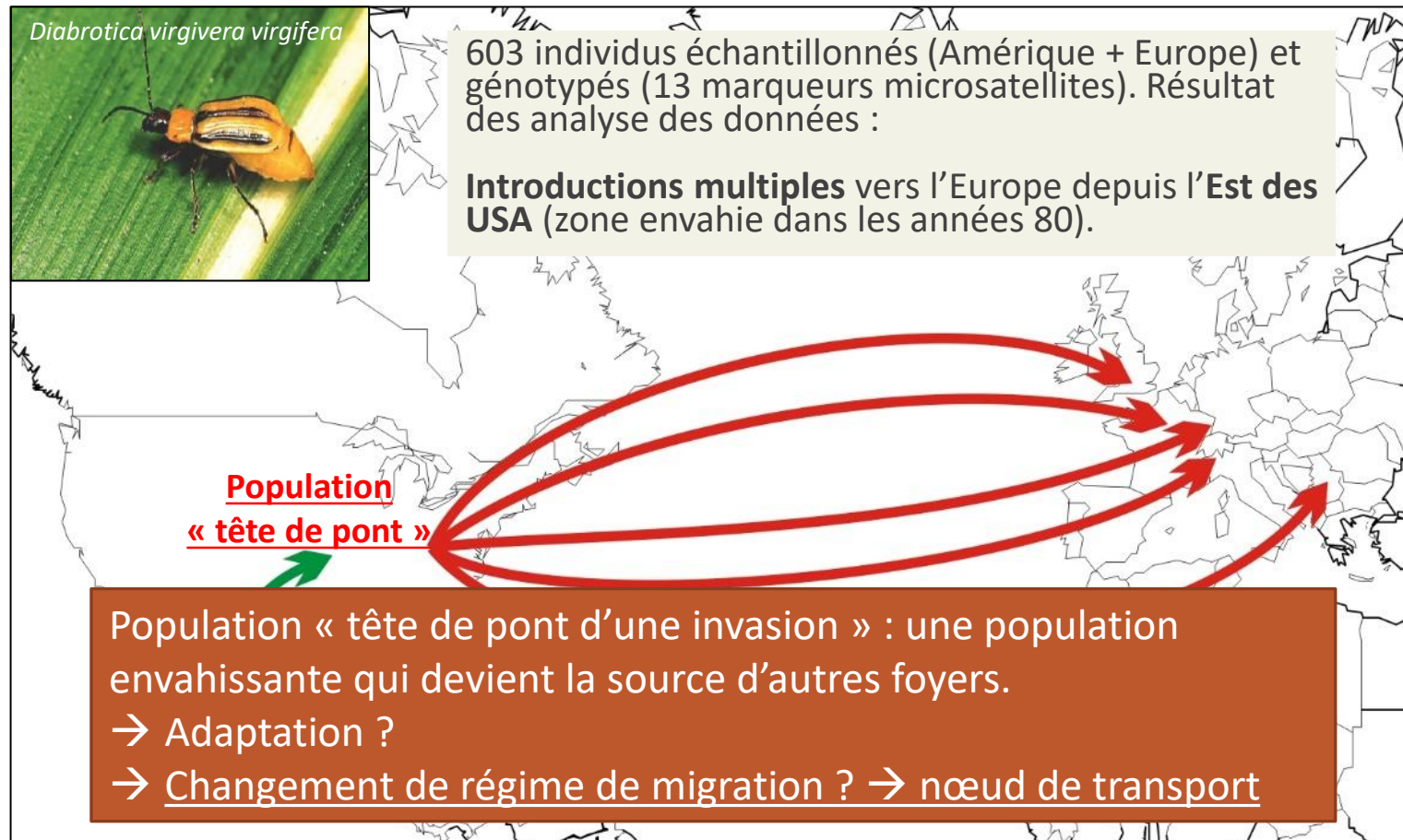


# II. Invasion biologique : une histoire de migration ?



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

# II. Invasion biologique : une histoire de migration ?

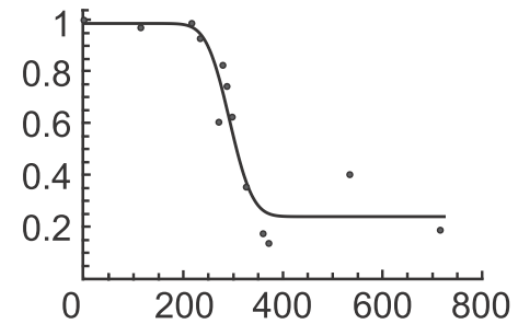
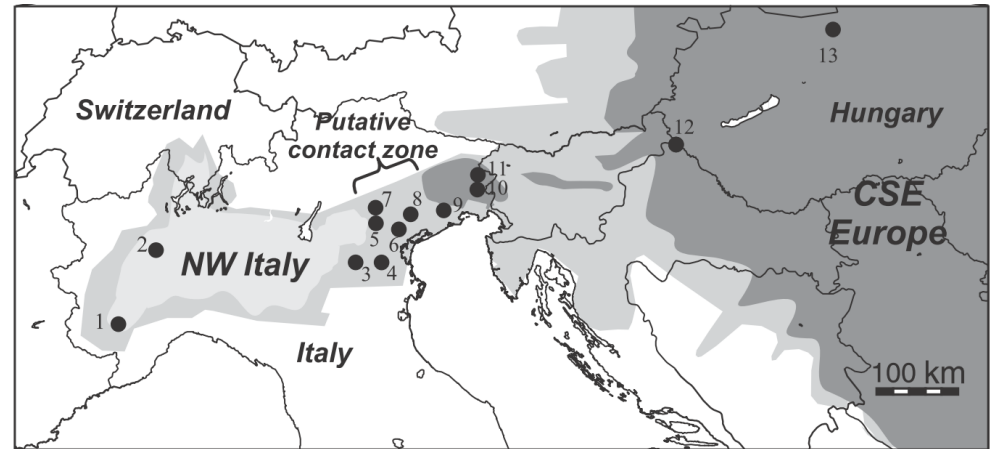


Ciosi et al. (2008) *Molecular Ecology*, 17, 3614–3627

# 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**

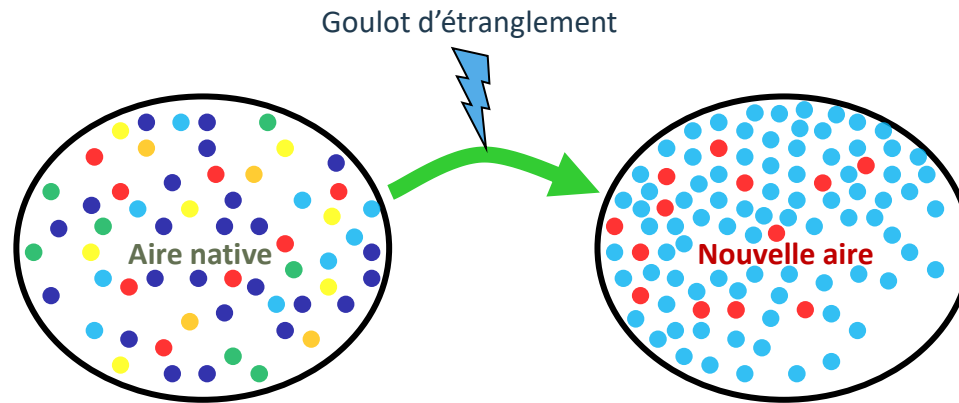


**Migration naturelle non négligeable**

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

**PRIMATE GENOMICS**

### Mountain gorilla genomes reveal the impact of long-term population decline and inbreeding

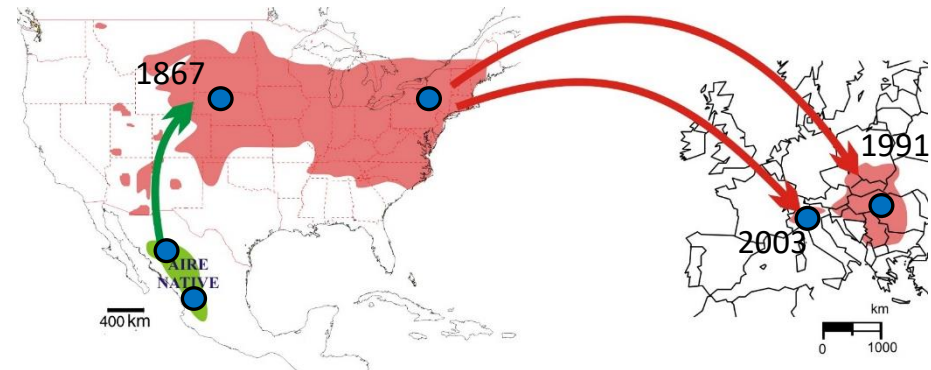
Yali Xue,<sup>1\*</sup> Javier Prado-Martinez,<sup>2\*</sup> Peter H. Sudmant,<sup>3\*</sup> Vagheesh Narasimhan,<sup>1,4\*</sup> Qasim Ayub,<sup>1</sup> Michal Szpak,<sup>1</sup> Peter Frandsen,<sup>5</sup> Yuan Chen,<sup>1</sup> Bryndis Yngvadottir,<sup>1</sup> David N. Cooper,<sup>6</sup> Marc de Manuel,<sup>2</sup> Jessica Hernandez-Rodriguez,<sup>2</sup> Irene Lobon,<sup>2</sup> Hans R. Siegismund,<sup>9</sup> Luca Pagani,<sup>1,7</sup> Michael A. Quail,<sup>1</sup> Christina Hvilson,<sup>8</sup> Antoine Mudakikwa,<sup>9</sup> Evan E. Eichler,<sup>8,10</sup> Michael R. Cranfield,<sup>11</sup> Tomas Marques-Bonet,<sup>2,3,22</sup> Chris Tyler-Smith,<sup>1†</sup> Aylwyn Scally<sup>3,5†</sup>

242 10 APRIL 2015 • VOL 348 ISSUE 6231 sciencemag.org SCIENCE

# 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 mutations 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

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

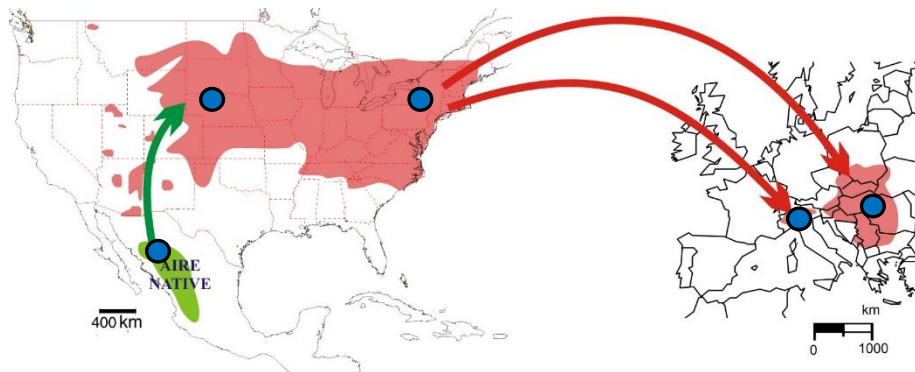
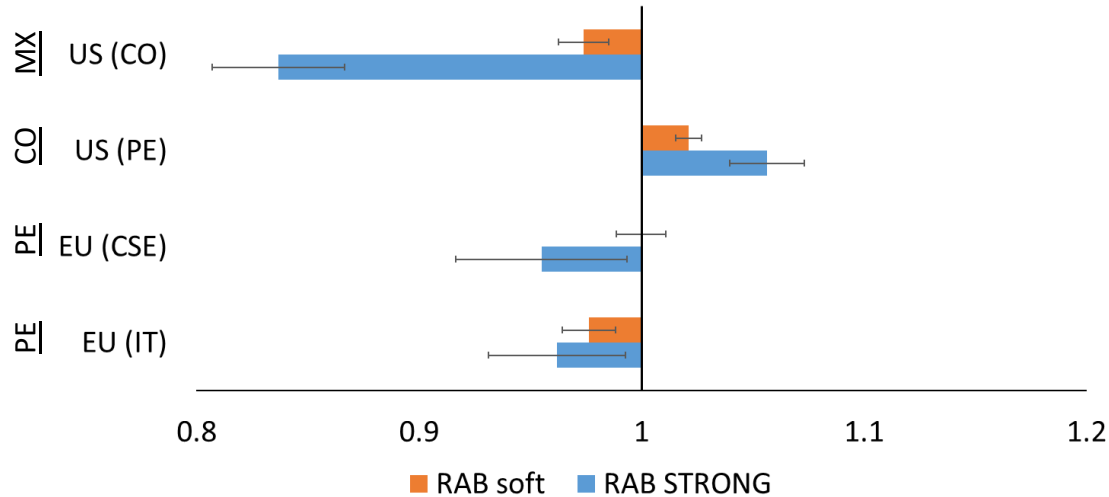
$$L_{A,B}(S) = \frac{\sum_{j \in S} p_j^A q_j^B}{\sum_{j \in S} p_j^B q_j^A}$$

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

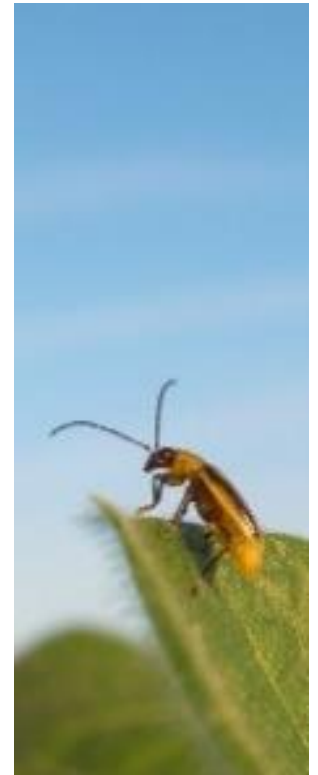
---

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

