Que nous raconte l'analyse des structures génétiques sur la dispersion des champignons phytopathogènes ?

Cyril Dutech, Virginie Ravigné, Fabien Halkett, Elisabeth Fournier, Jean Carlier

▶ **To cite this version:**

Cyril Dutech, Virginie Ravigné, Fabien Halkett, Elisabeth Fournier, Jean Carlier. Que nous raconte l'analyse des structures génétiques sur la dispersion des champignons phytopathogènes ?. 7. Rencontres de Phytopathologie - Mycologie de la Société Française de Phytopathologie. Journées Jean Chevaugeon, Jan 2008, Aussois, France. 14 diapositives. hal-02816891

HAL Id: hal-02816891
https://hal.inrae.fr/hal-02816891

Submitted on 6 Jun 2020

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.

Distributed under a Creative Commons Attribution - ShareAlike 4.0 International License

Journées Jean Chevaugeon
VIIe rencontres de phytopathologie/mycologie de la Société Française de Phytopathologie
Aussois, Savoie, France • 20 - 24 janvier 2008

Que nous raconte l'analyse des structures génétiques sur la dispersion des champignons phytopathogènes ?

Cyril Dutech[1], Virginie Ravigné[2], Fabien Halkett[3], Elisabeth Fournier[2], Jean Carlier[2]

[1] INRA, UMR BIOGECO Bordeaux

[2] CIRAD, UMR BGPI Montpellier

[3] INRA, UMR IAM Nancy

BioGeCo
Biodiversité, gènes & communautés

UMR - BGPI
Biologie et Génétique
des Interactions Plante-Parasite

INRA

Nancy-Université
Université Henri Poincaré

Les champignons phytopathogènes:
Une grande diversité de mode et de capacité de dispersion.

- Difficultés pour appréhender les processus de dispersion par méthode directe

  - Méthodes coûteuses ou laborieuses

  - Problème d'identification de la source

- Alternative par des méthodes indirectes :

Organisation de la différenciation génétique entre populations et estimation des flux de gènes

Pas de synthèse chez les champignons phytopathogènes depuis Mc Dermott & Mc Donald 1993

Mesure de la différenciation génétique entre populations

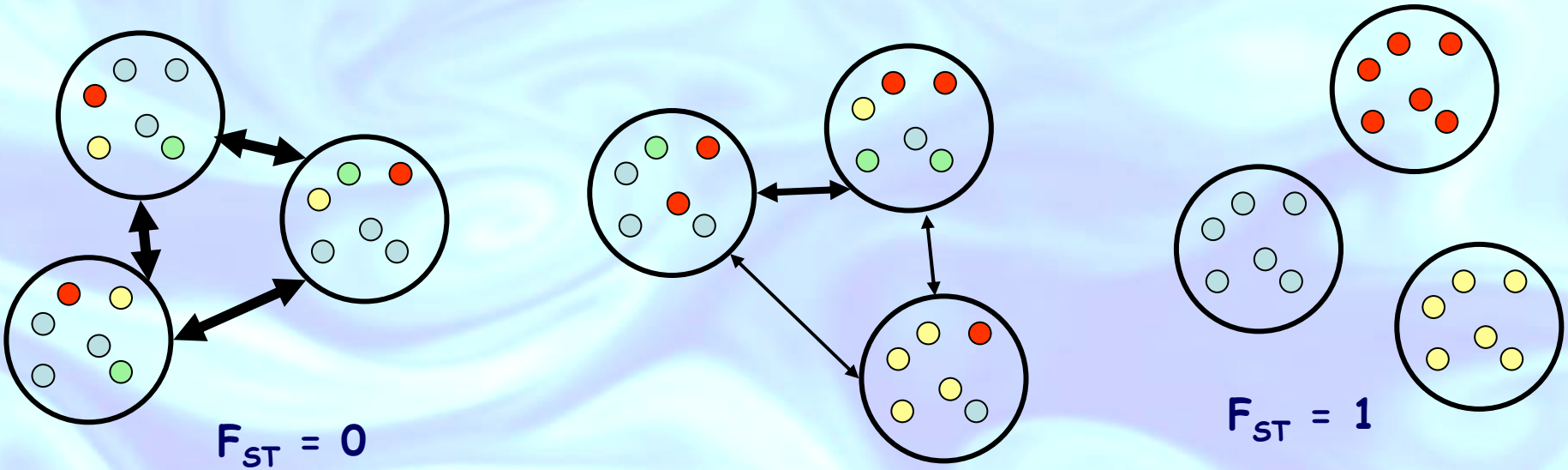
- F_{ST} (Wright 1965)

Probabilité d'identité entre deux gènes échantillonnés dans le même dème

$$F_{ST} = \frac{Q_s - Q_T}{1 - Q_T}$$

Probabilité d'identité entre deux gènes échantillonnés dans l'ensemble des dèmes

(Rousset 2004)



Différenciation génétique chez les champignons phytopathogènes

37 espèces (79 études) Fst : 0.21 (+/- 0.02) – Médiane : 0.13

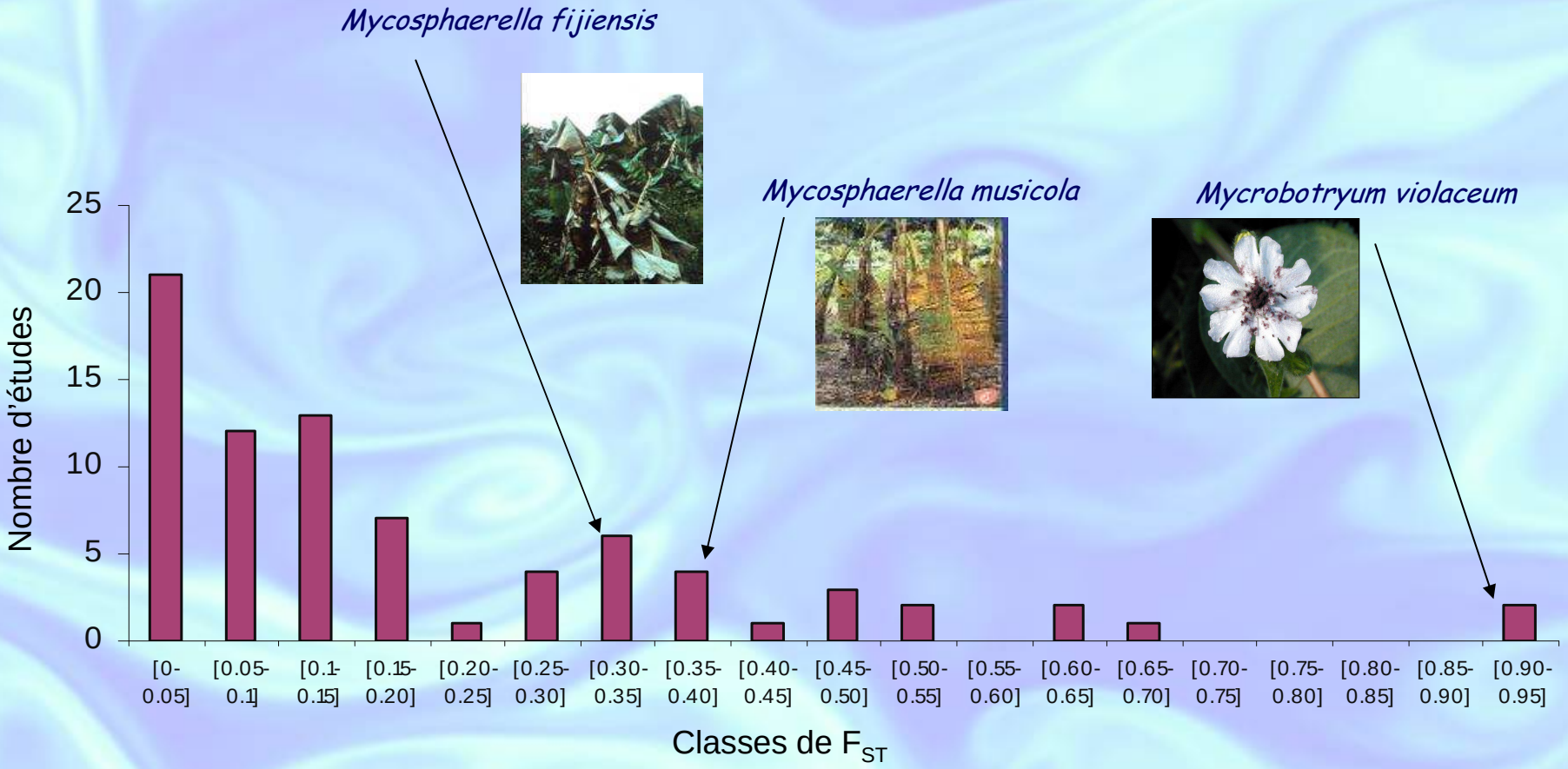
Animaux (781 études) 0.20 (+/- 0.01) - Médiane : 0.10
Plantes (294 études) 0.32 (+/- 0.01) - Médiane : 0.18

(Morjan & Rieseberg, 2004)

		%	Fst
Familles	Ascomycètes	73%	0.19 (+/- 0.02)
	Basidiomycètes	16%	0.29 (+/- 0.13)
	Oomycètes	11%	0.20 (+/- 0.10)
Types d'hôtes	Céréales	41%	0.16 (+/- 0.03)
	Cultures annuelles	18%	0.22 (+/- 0.05)
	Cultures pérennes	15%	0.14 (+/- 0.04)
	Arbres forestiers	20%	0.21 (+/- 0.06)
	Autres	6%	0.61 (+/- 0.21)

Différenciation génétique chez les champignons phytopathogènes:

Effet de différents facteurs (1)



Différenciation génétique chez les champignons phytopathogènes:

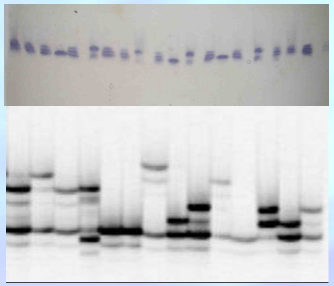
Effet de différents facteurs (2)

- Sous-structuration spatiale : difficulté de définir une population

  Exemple : Structuration par la plante hôte
  Espèces cryptiques (Fournier et al. 2007)

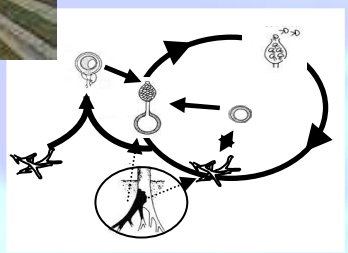
- Diversité intra-populationnelle

  Effet du polymorphisme du marqueur utilisé



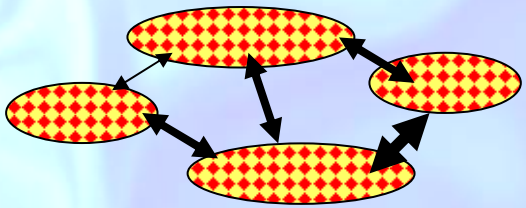
- Sélection

  - Pressions de sélection fortes
  - Clonalité et cycle de vie (Giraud et al. 2006)

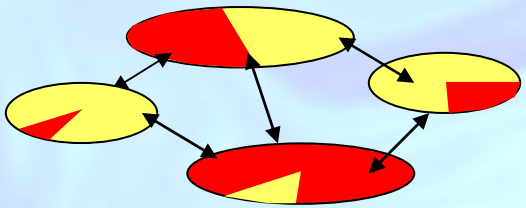


Retour à la relation F_{ST} et capacité de dispersion

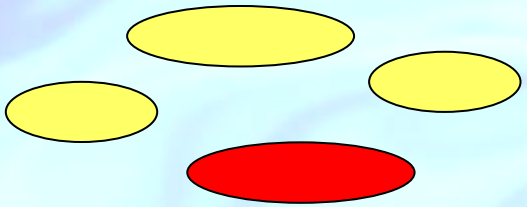
Une migration plus importante (en taux ou en distance) tend à homogénéiser les fréquences alléliques entre populations et faire diminuer le F_{ST}



Flux de gènes importants
F_{ST} faible



Flux de gènes faibles
F_{ST} intermédiaire



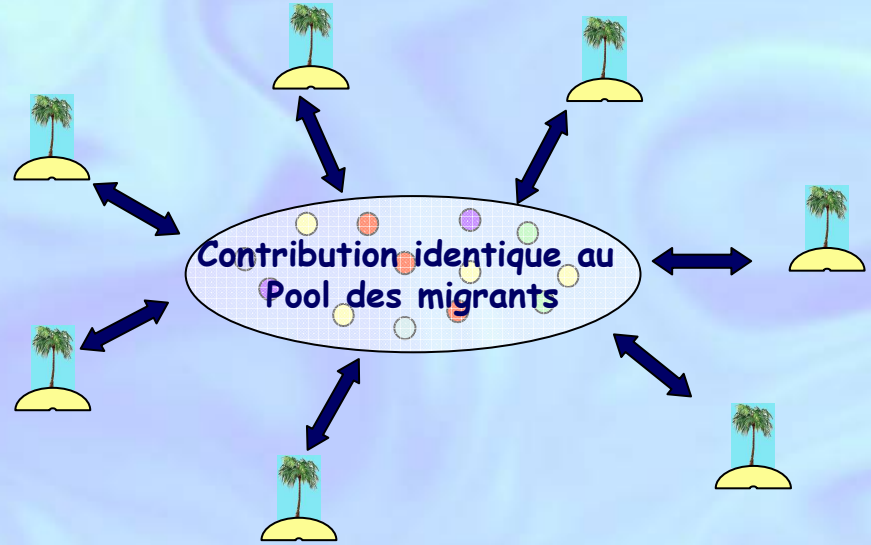
Flux de gènes nuls
F_{ST} fort

Idée : utiliser le F_{ST} (facile à mesurer) pour estimer des caractéristiques liées à la dispersion (taux, distance moyenne…) (difficiles à mesurer)

Méthode : se doter d'un modèle permettant de lier explicitement F_{ST} et dispersion → inférences sur les paramètres de dispersion

Estimation de paramètres de dispersion à partir des F_{ST}

1) Hypothèse d'un modèle en îles (Wright 1951)



+ Équilibre mutation-dérive

Population de tailles constantes et identiques

Sous ces **hypothèses**, on peut inférer le *taux de migration par génération* via la relation :

$$F_{ST} \approx \frac{1}{1+4Nm}$$

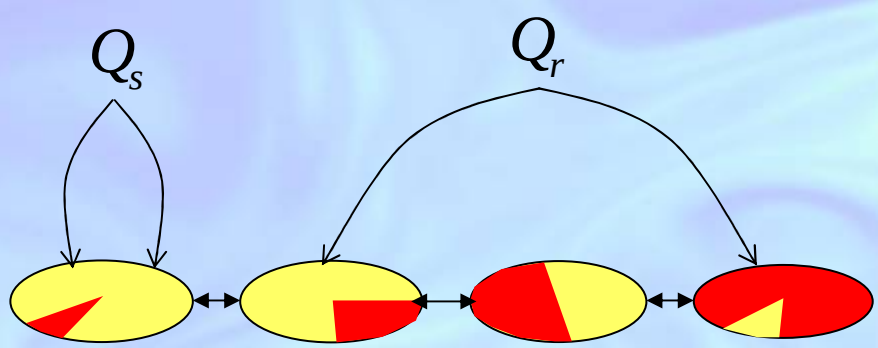
Problèmes : ces hypothèses sont souvent violées

- flux de gènes dépendant de la distance entre populations
- dynamique de colonisation récente
- …

Estimation de paramètres de dispersion à partir des F_{ST}

2) Modèle d'isolement par la distance (IBD; Wright 1943)

Du fait de la migration limitée dans l'espace, la probabilité d'identité entre gènes est plus forte à courte distance qu'à longue distance



Donc

$$F_{ST}(r) = \frac{Q_s - Q_r}{1 - Q_r}$$

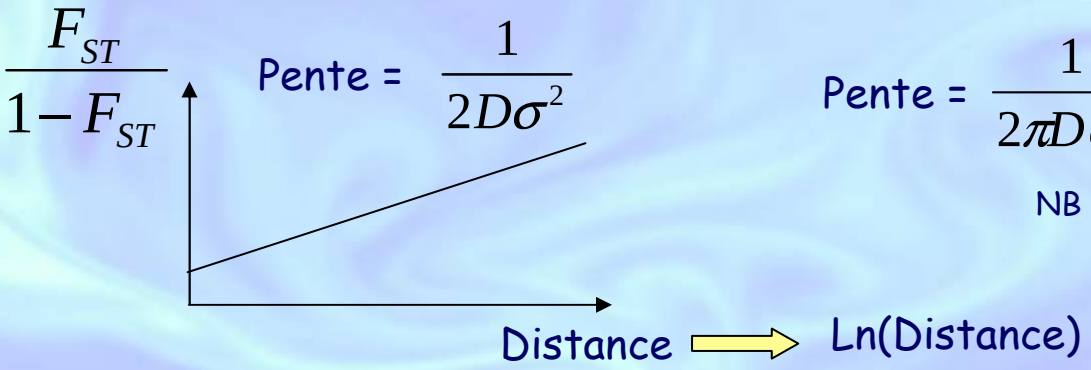
augmente avec la distance *r* entre pops

Estimation de paramètres de dispersion à partir des F_{ST}

2) Modèle d'isolement par la distance (IBD; Wright 1943)

Ainsi, sous les hypothèses du modèle d'IBD, on peut inférer le carré de la distance moyenne de dispersion parents-descendants σ^2 (Rousset 1997) :

Dispersion en une dimension ⟹ en deux dimensions



Pente = $\frac{1}{2\pi D\sigma^2}$

NB : Pour des diploïdes, remplacer les 2 par des 4

Existence d'un test pour détecter un IBD

Estimation de paramètres de dispersion à partir des F_{ST}

Attention: une structure d'IBD peut être associée à d'autres processus que la dispersion.
L'estimation d'une distance (ou d'un taux) de dispersion n'a alors pas de sens.

Conditions nécessaires pour une estimation non biaisée sous l'hypothèse d'IBD

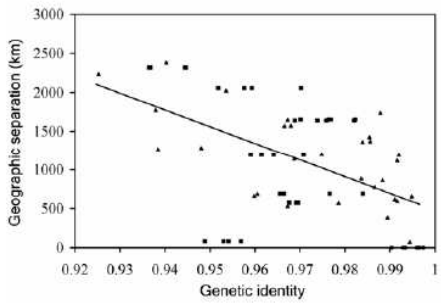
- Nombreuses populations réparties de façon homogène
- Faible hétérogénéité spatiale en termes de densité
- Effectifs stables (pas de dynamique de colonisation ou de régression, pas d'extinctions locales)
- Panmixie locale (problème de la définition des dèmes – existence de la clonalité)
- Pas d'hétérogénéité des pressions de sélection : effet de la plante hôte
- Relation linéaire vraies pour des distances comprises entre certaines limites fonction du σ

Existence de structure IBD chez les champignons phytopathogènes ?

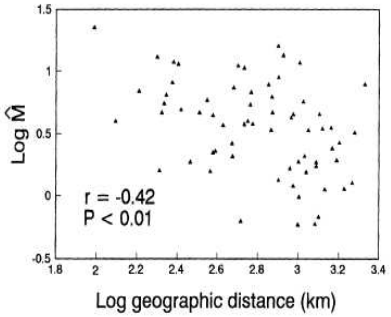
12 études (9 espèces) : 10.5 populations testées

8 structures IBD détectées

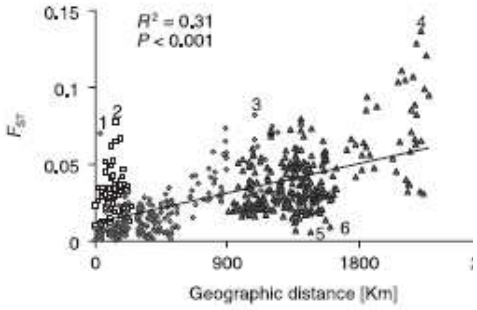
Pas de méthodes standardisées



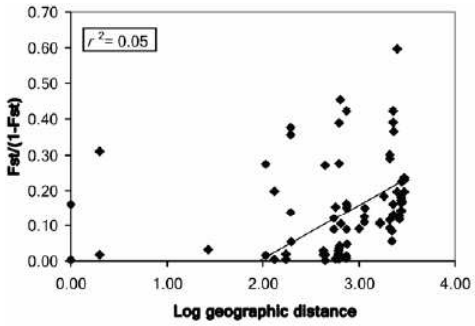
Schmale et al. 2006



Milgroom et al. 1996

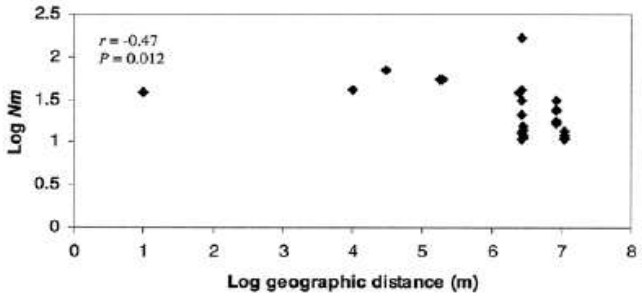


Gobbin et al. 2006

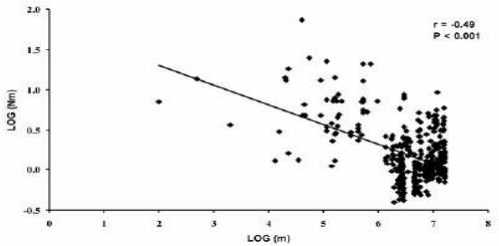


Hayden et al. 2007

Des questions sur les conditions d'applications



Linde et al. 2002



Zaffarano et al. 2006

En conclusion

Estimer des F_{ST} reste pertinent pour :

Identifier les types de structures génétiques et les associer à la biologie et l'histoire des populations

Mais

Les valeurs des indices de différenciations ou de pentes sont difficilement utilisables pour estimer des flux de gènes

Whitlock MC, McCauley DE (1999) Indirect measures of gene flow and migration: Fst ≠ 1/(1+4Nm). *Heredity* **82**, 117-125.

Explorer les effets des écarts aux modèles sur les estimations

Bonne dispersion à tous !