



HAL
open science

Prédire le potentiel adaptatif d'une espèce à partir de données génomiques : une étude de cas chez le ravageur des cultures *Drosophila suzukii*

Louise Camus, Mathieu Gautier, Simon Boitard

► To cite this version:

Louise Camus, Mathieu Gautier, Simon Boitard. Prédire le potentiel adaptatif d'une espèce à partir de données génomiques : une étude de cas chez le ravageur des cultures *Drosophila suzukii*. Modélisation en Ecologie et Evolution, May 2022, Montpellier, France. hal-04659223

HAL Id: hal-04659223

<https://hal.inrae.fr/hal-04659223v1>

Submitted on 22 Jul 2024

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.



Source : Katja Schultz

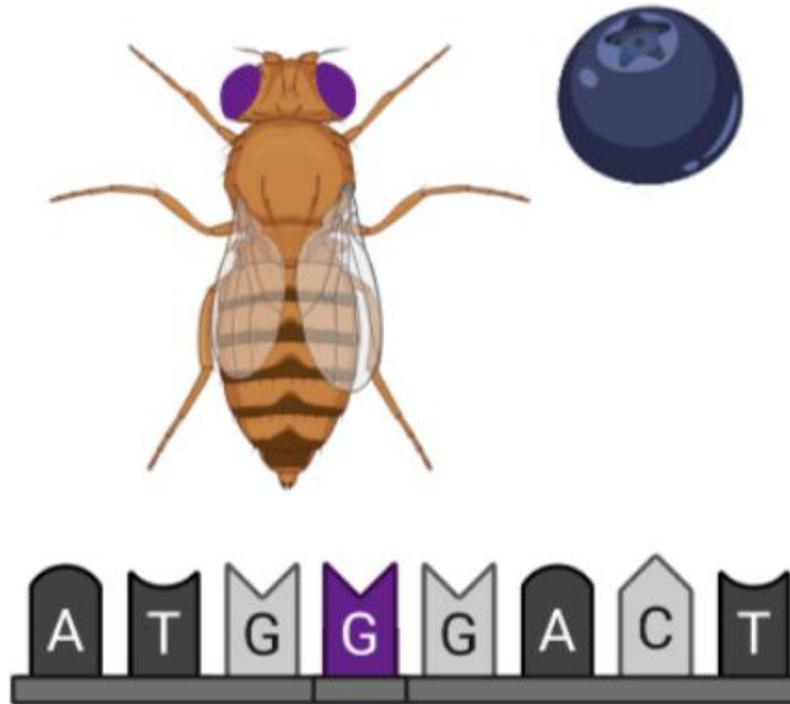
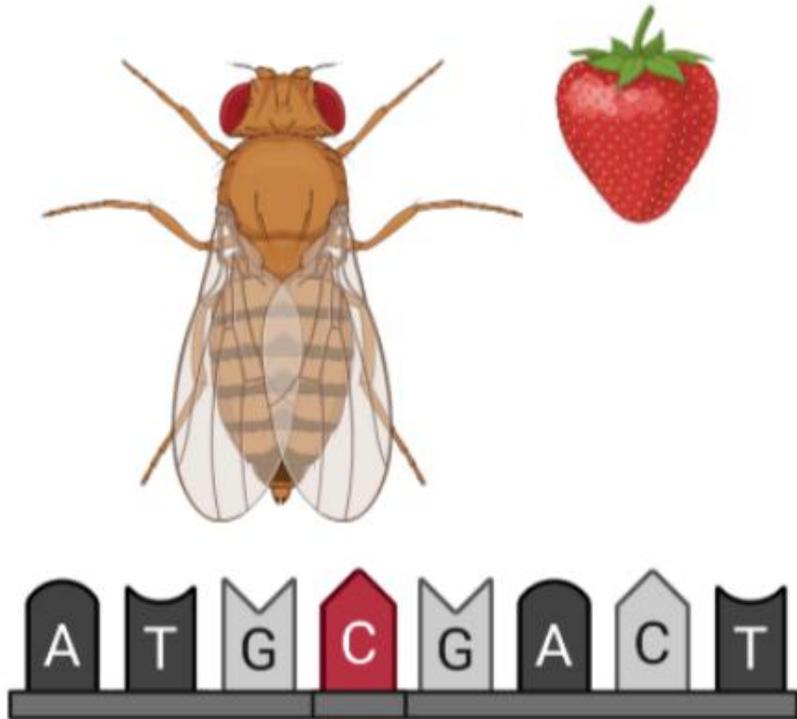
Prédire le potentiel adaptatif d'une espèce à partir de données génomiques : une étude de cas chez le ravageur des cultures *Drosophila suzukii*

LOUISE CAMUS

Encadrée par Mathieu Gautier et Simon Boitard

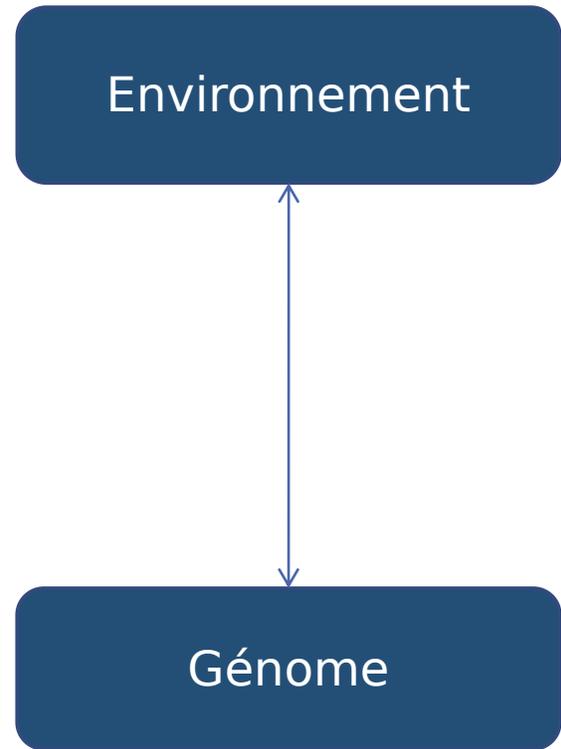
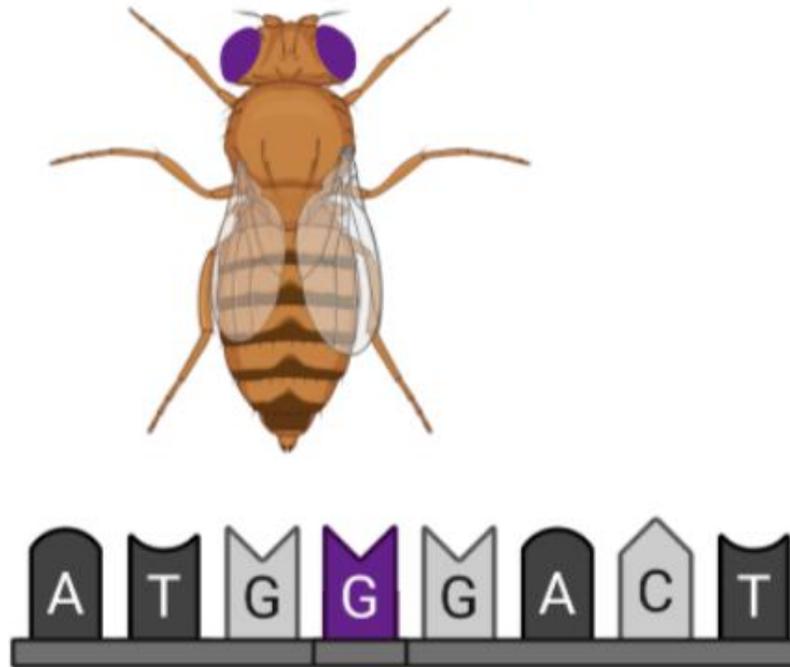
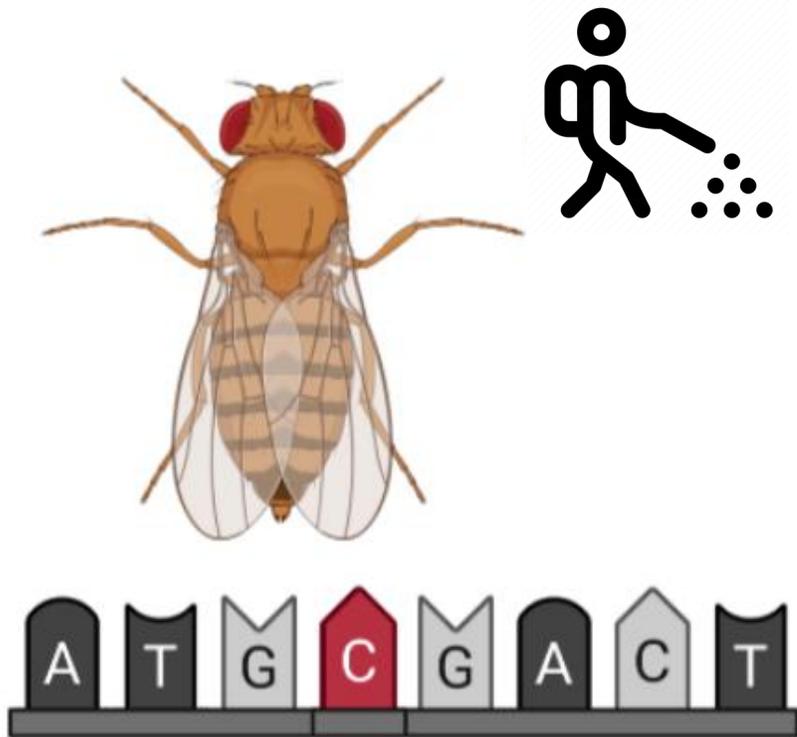
Centre de Biologie pour la Gestion des Populations (CBGP)

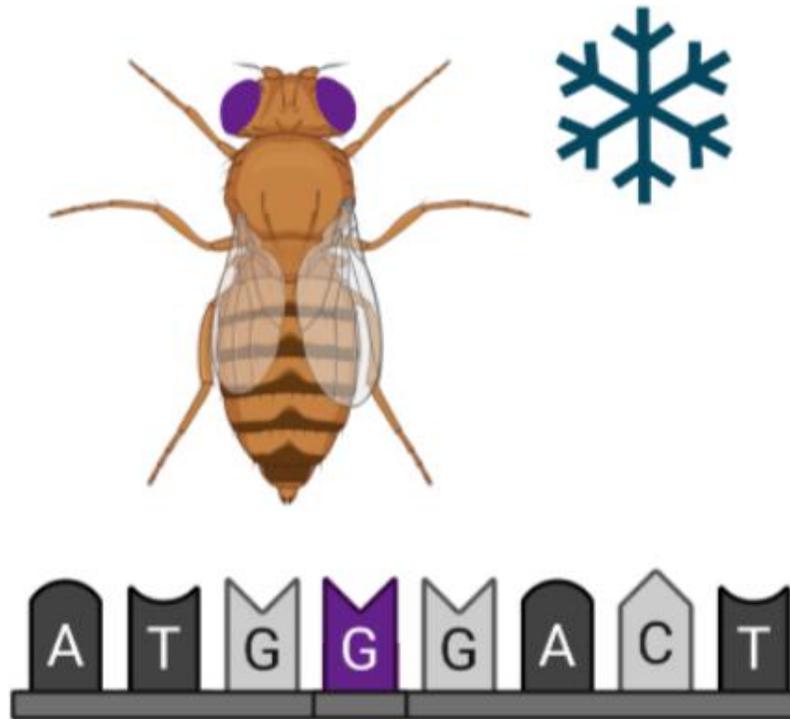
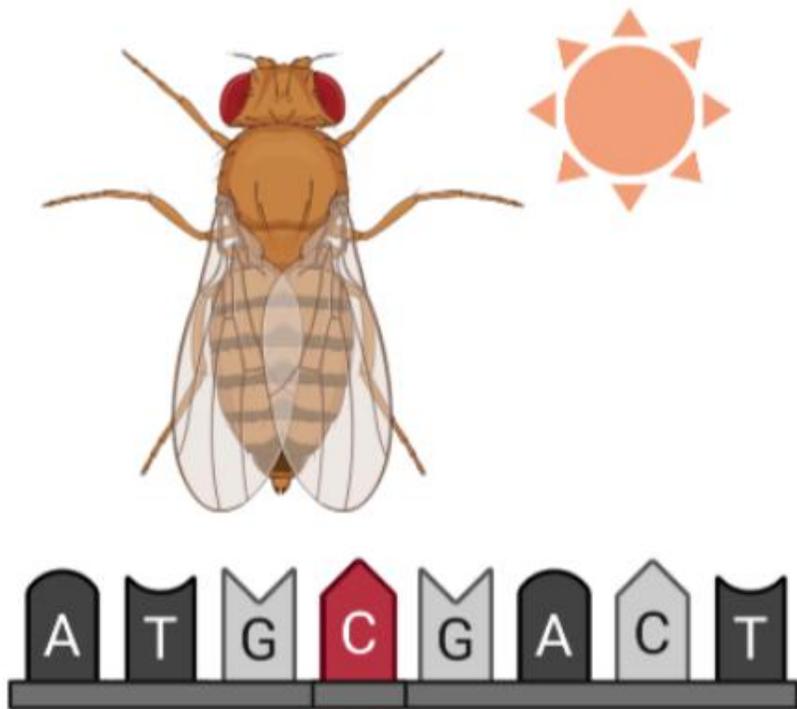
Présentation MEE, 20 mai 2022



Environnement

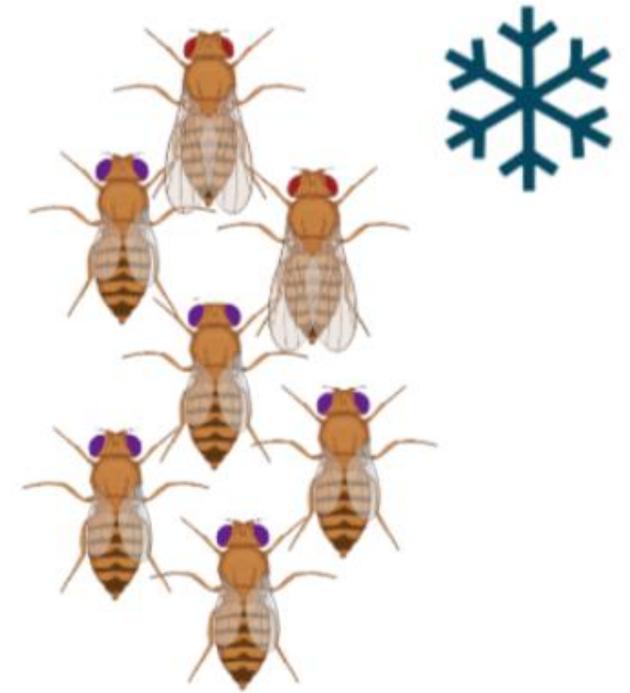
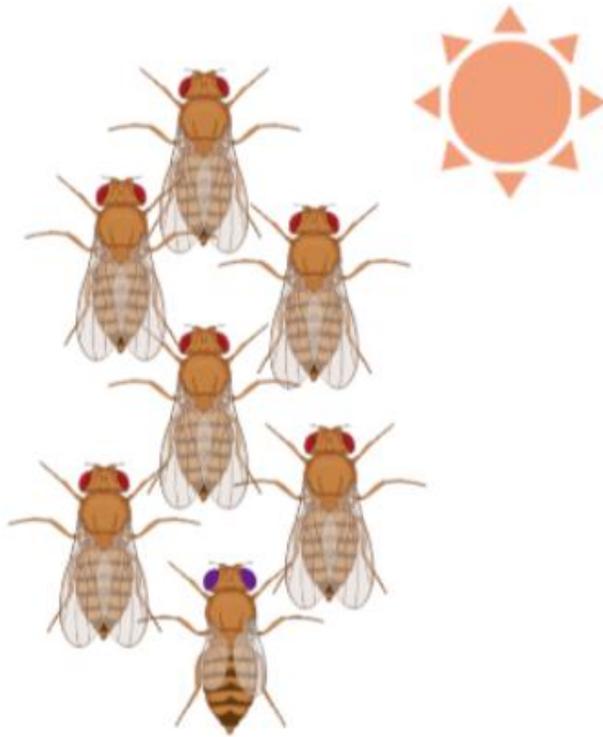
Génome



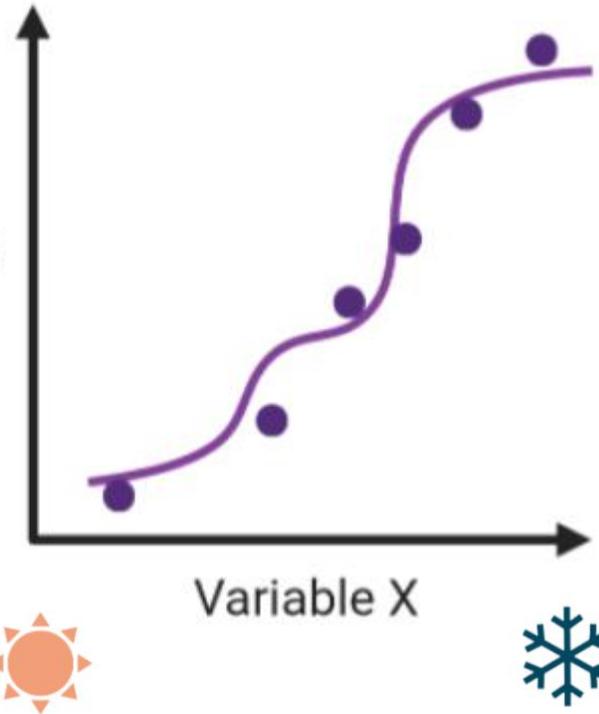


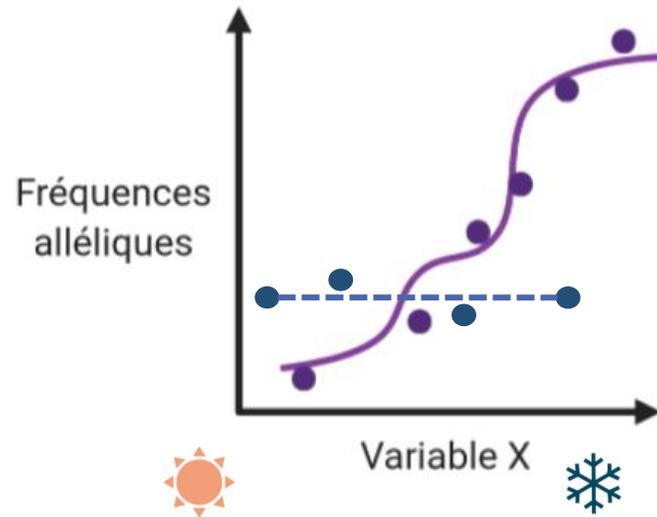
Environnement

Génome

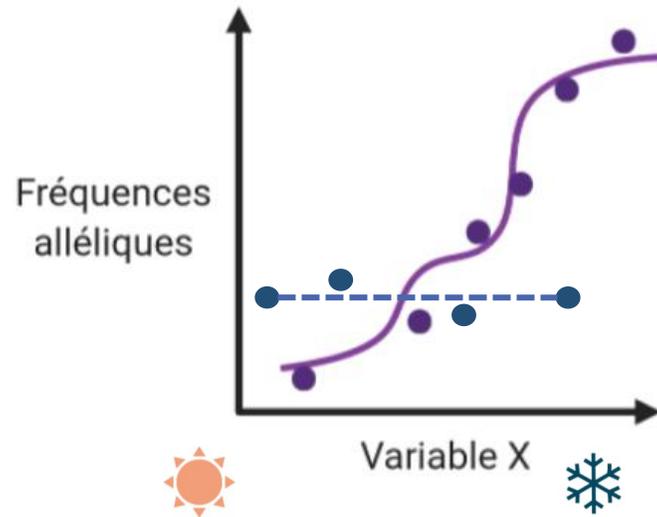


Fréquences
alléliques



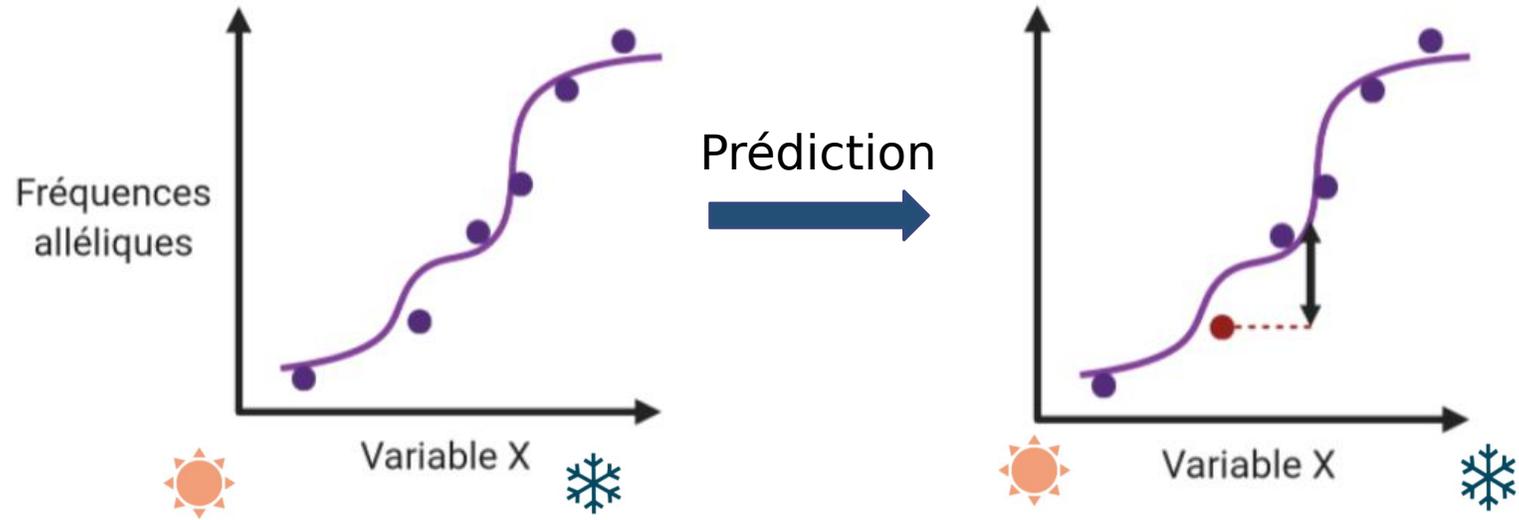


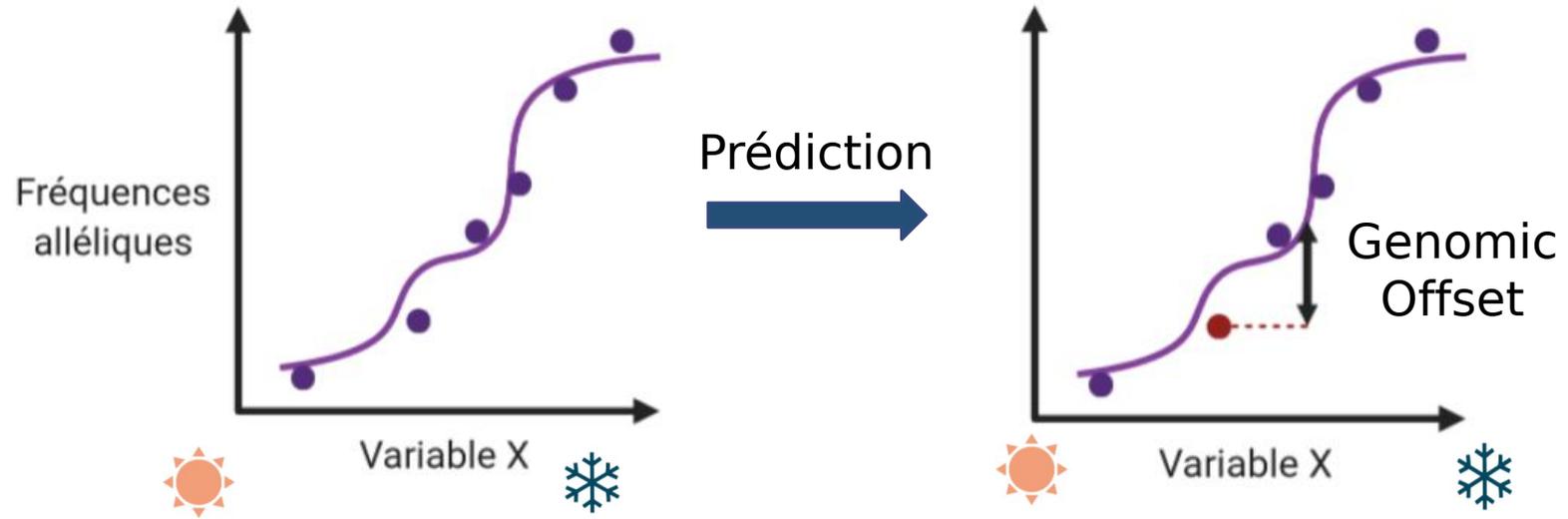
Identification de marqueurs ayant des rôles particuliers dans l'adaptation

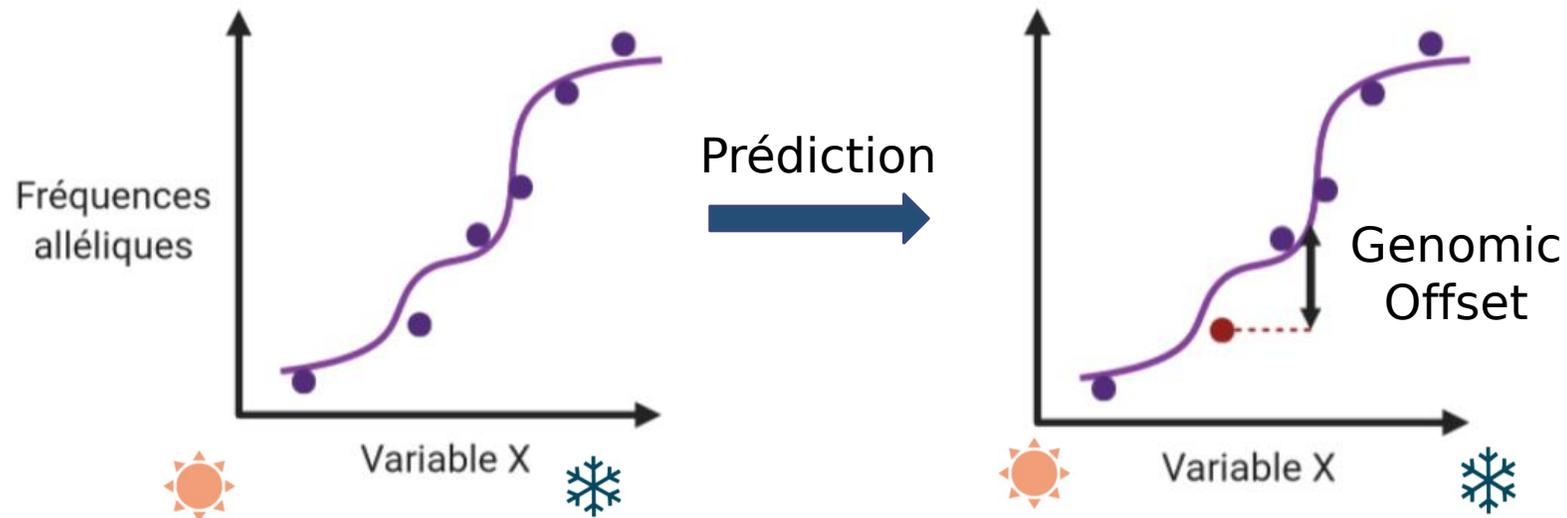


Identification de marqueurs ayant des rôles particuliers dans l'adaptation

Quelles variables environnementales jouent un rôle dans l'adaptation locale ?



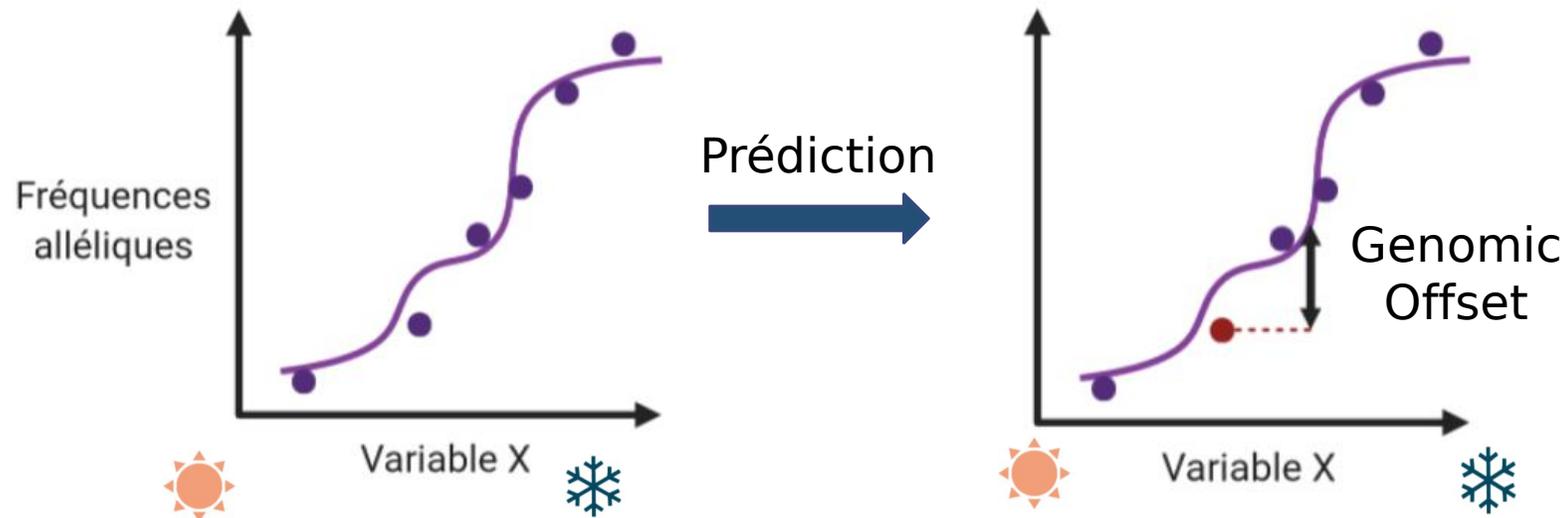




Genomic Offset = mesure du degré de maladaptation

Temporel (conditions climatique futures) ou spatial (conditions dans d'autres zones géographiques)

→ Intéressant dans le cas des espèces invasives



Genomic Offset = mesure du degré de maladaptation

Temporel (conditions climatique futures) ou spatial (conditions dans d'autres zones géographiques)

→ Intéressant dans le cas des espèces invasives

Mais pas aussi simple que ça !

Objectifs

Beaucoup de méthodes
(Gradient Forest, Baypass,
General Dissimilarity
Modelling,...),
peu de validation



Evaluation de certaines
de ces méthodes
Comment les améliorer ?

Outils

Données simulées (SLiM)

Données réelles pour
deux espèces modèles :
Drosophila suzukii et
Harmonia axyridis



Objectifs

Outils

Beaucoup de méthodes
(Gradient Forest, Baypass,
General Dissimilarity
Modelling,...),
peu de validation

Evaluation de certaines
de ces méthodes
Comment les améliorer ?

Données simulées (SLiM)

Données réelles pour
deux espèces modèles :
Drosophila suzukii et
Harmonia axyridis

Méthodes encore peu
appliquées aux espèces
invasives

Application des méthodes

Données réelles pour
deux espèces modèles :
Drosophila suzukii et
Harmonia axyridis

Objectifs

Outils

Beaucoup de méthodes
(Gradient Forest, Baypass,
General Dissimilarity
Modelling,...),
peu de validation

Evaluation de certaines
de ces méthodes
Comment les améliorer ?

Données simulées (SLiM)

Données réelles pour
deux espèces modèles :
Drosophila suzukii et
Harmonia axyridis

Méthodes encore peu
appliquées aux espèces
invasives

Application des méthodes

Données réelles pour
deux espèces modèles :
Drosophila suzukii et
Harmonia axyridis

Deux objectifs :

- Quelles variables sont le plus liées à l'invasion ?

Deux objectifs :

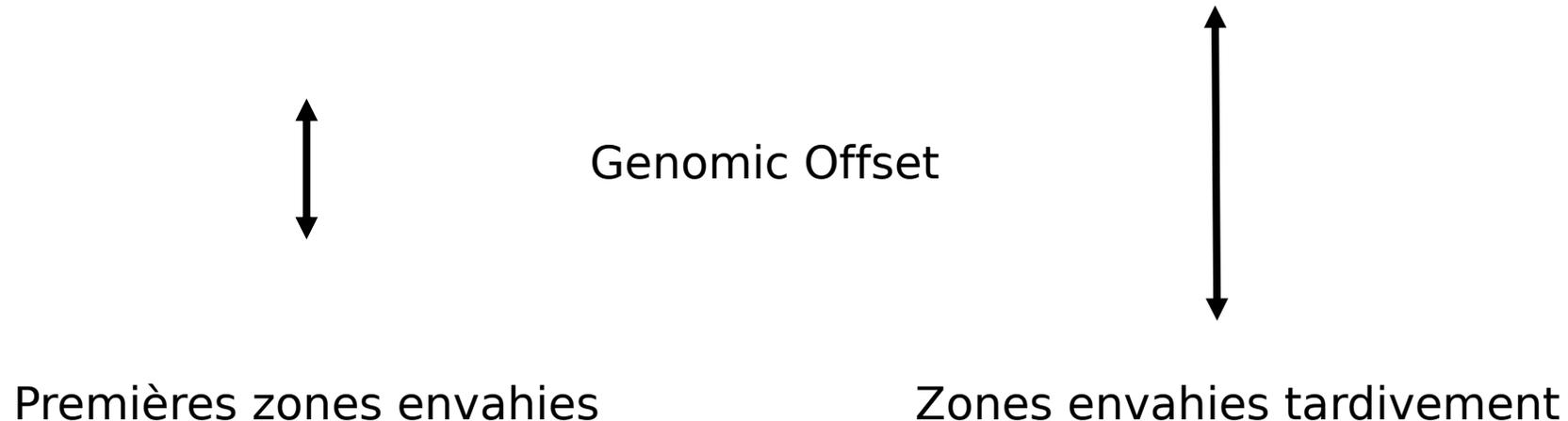
- Quelles variables sont le plus liées à l'invasion ?
- Dans quelle mesure le genomic offset est-il un bon indicateur du potentiel invasif ?
 - Genomic Offset de populations natives pour un environnement différent de celui de leur lieu d'origine

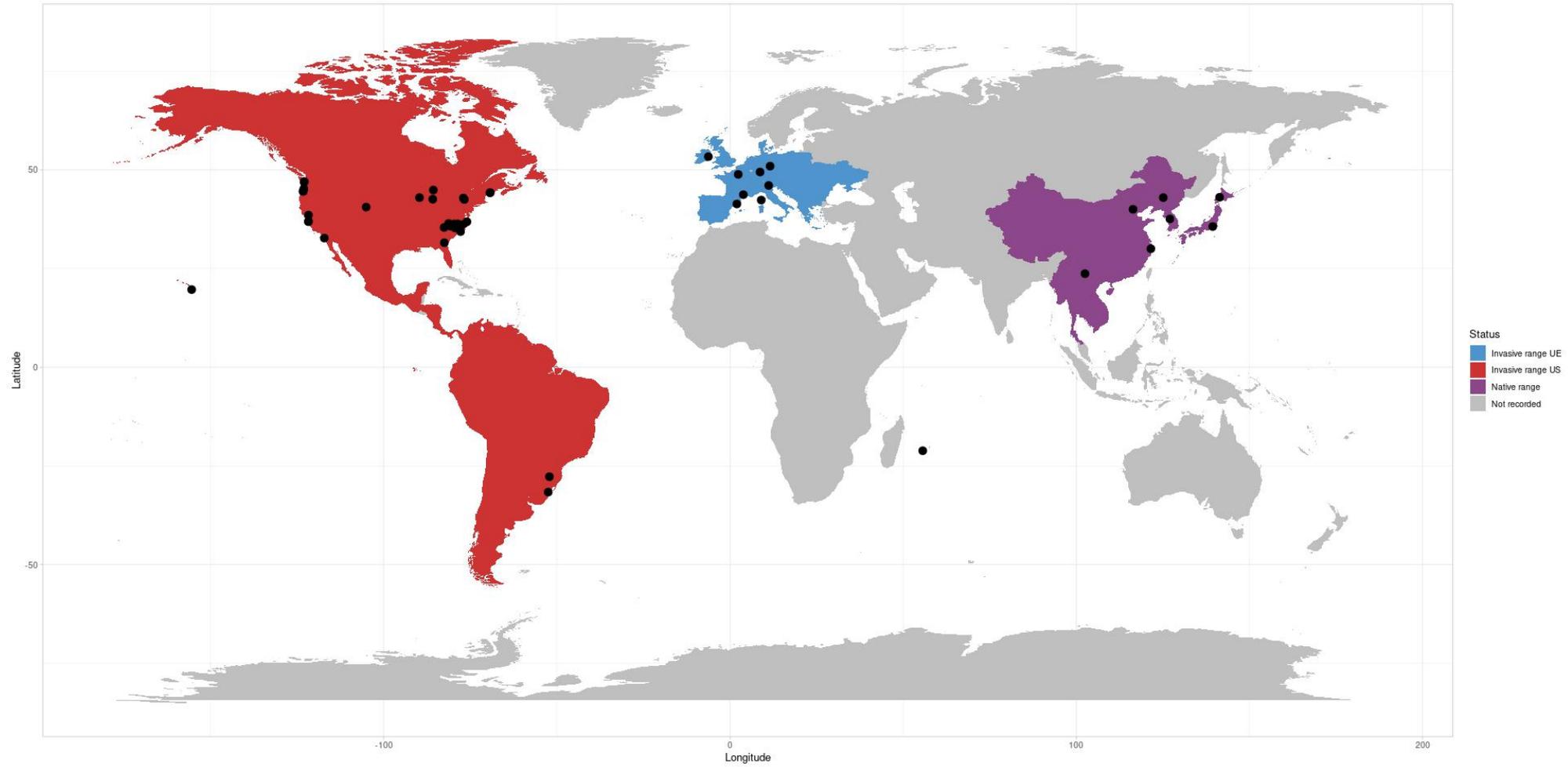
Deux objectifs :

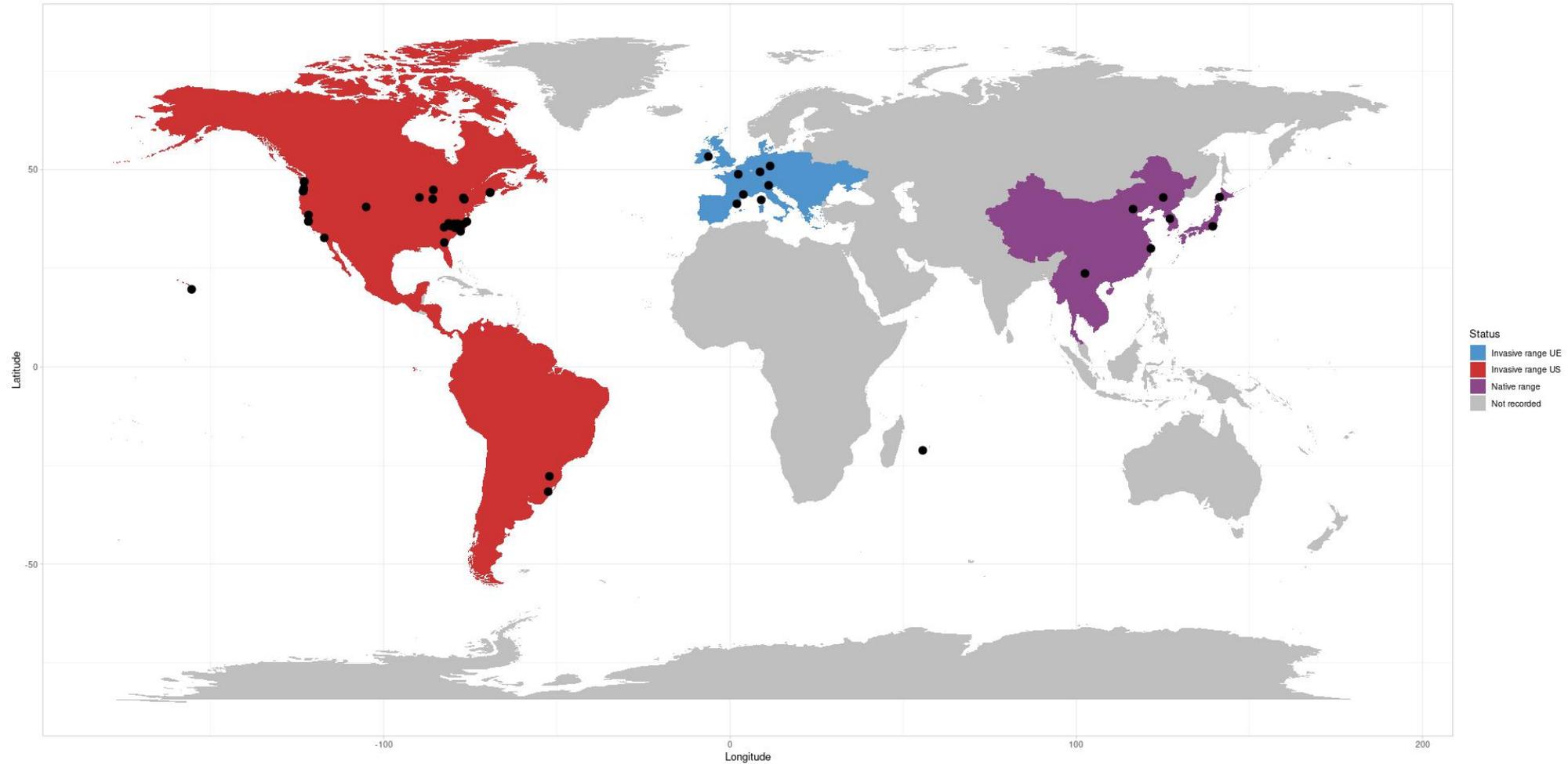
- Quelles variables sont le plus liées à l'invasion ?
- Dans quelle mesure le genomic offset est-il un bon indicateur du potentiel invasif ?
 - Genomic Offset de populations natives pour un environnement différent de celui de leur lieu d'origine
 - Le Genomic Offset est-il lié à ce que l'on connaît de l'invasion de *D. sukikii* ?

Deux objectifs :

- Quelles variables sont le plus liées à l'invasion ?
- Dans quelle mesure le genomic offset est-il un bon indicateur du potentiel invasif ?
 - Genomic Offset de populations natives pour un environnement différent de celui de leur lieu d'origine
 - Le Genomic Offset est-il lié à ce que l'on connaît de l'invasion de *D. sukikii* ?





Reséquençage individuels et groupés : 43 populations (Données publiques¹)

→ Identification de 3 117 246 Single Nucleotide Polymorphism (SNPs)

Génome

Fréquences
alléliques de
3 117 246 SNPs

19 variables bioclimatiques (WorldClim) pour l'année 2012

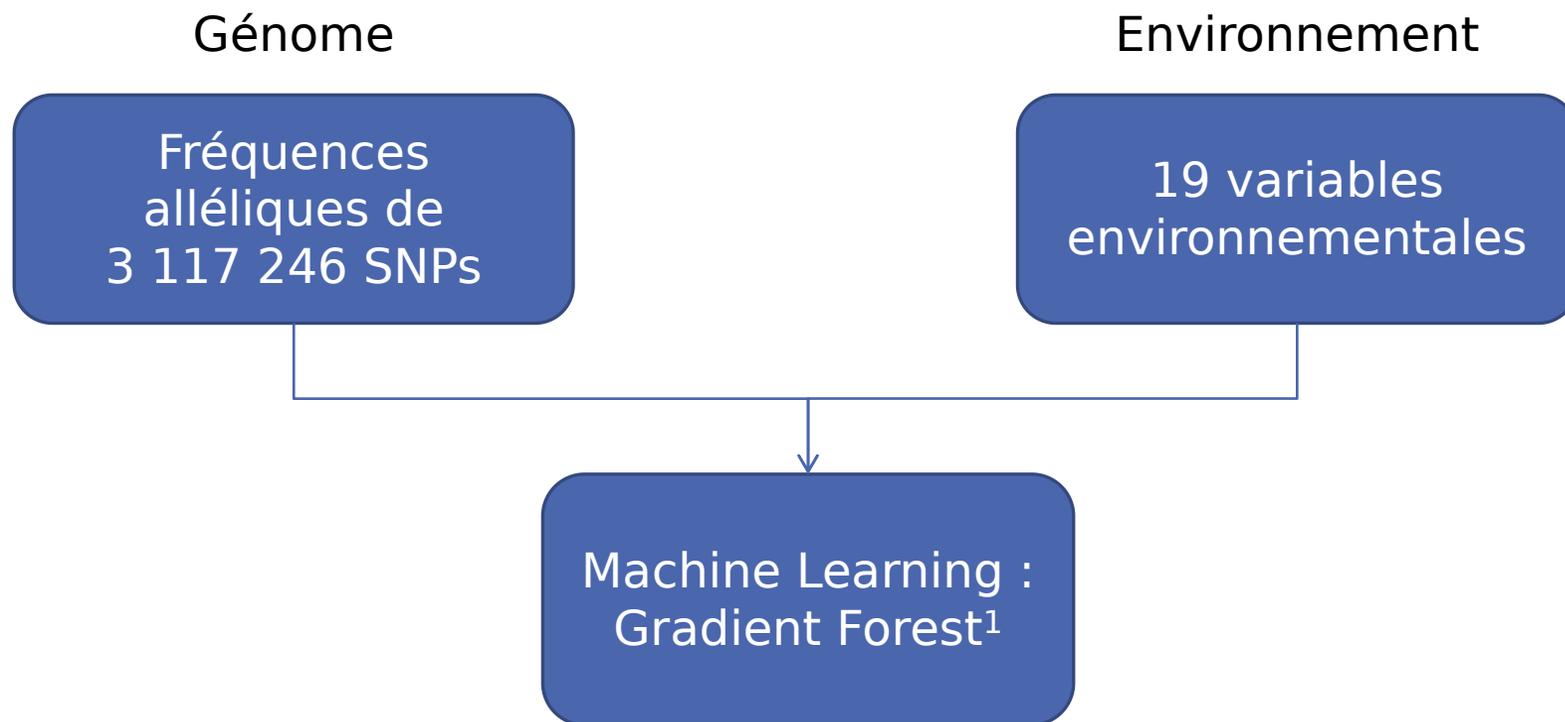
Génome

Fréquences
alléliques de
3 117 246 SNPs

Environnement

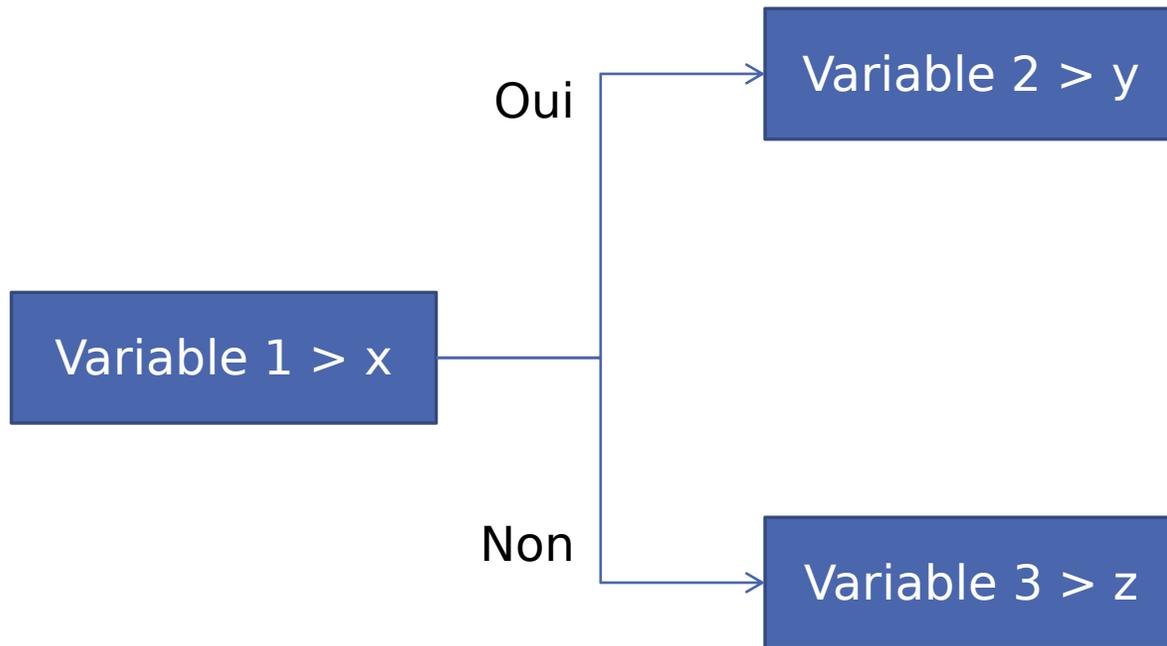
19 variables
environnementales

19 variables bioclimatiques (WorldClim) pour l'année 2012

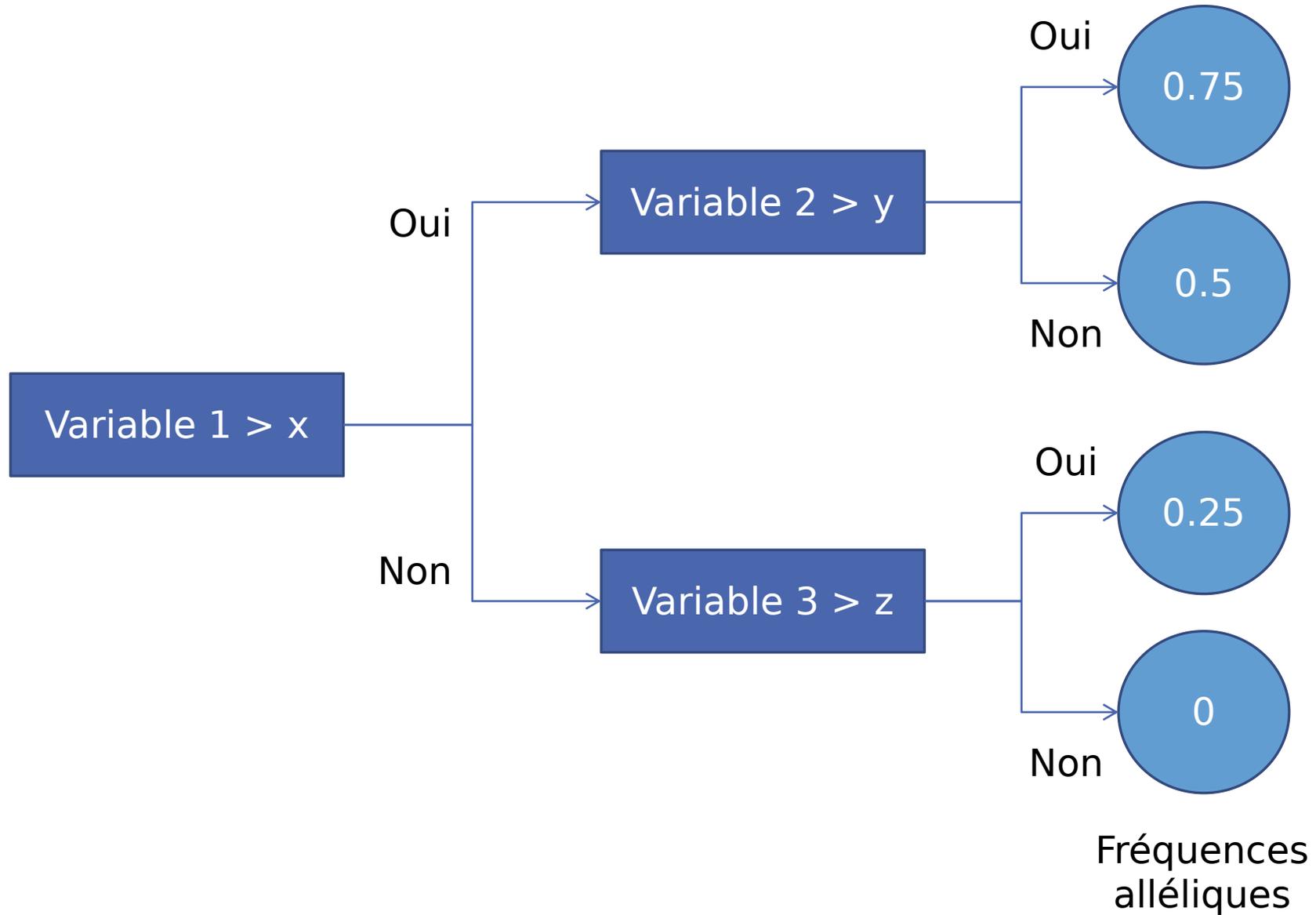


¹ Ellis *et al.* (2012)

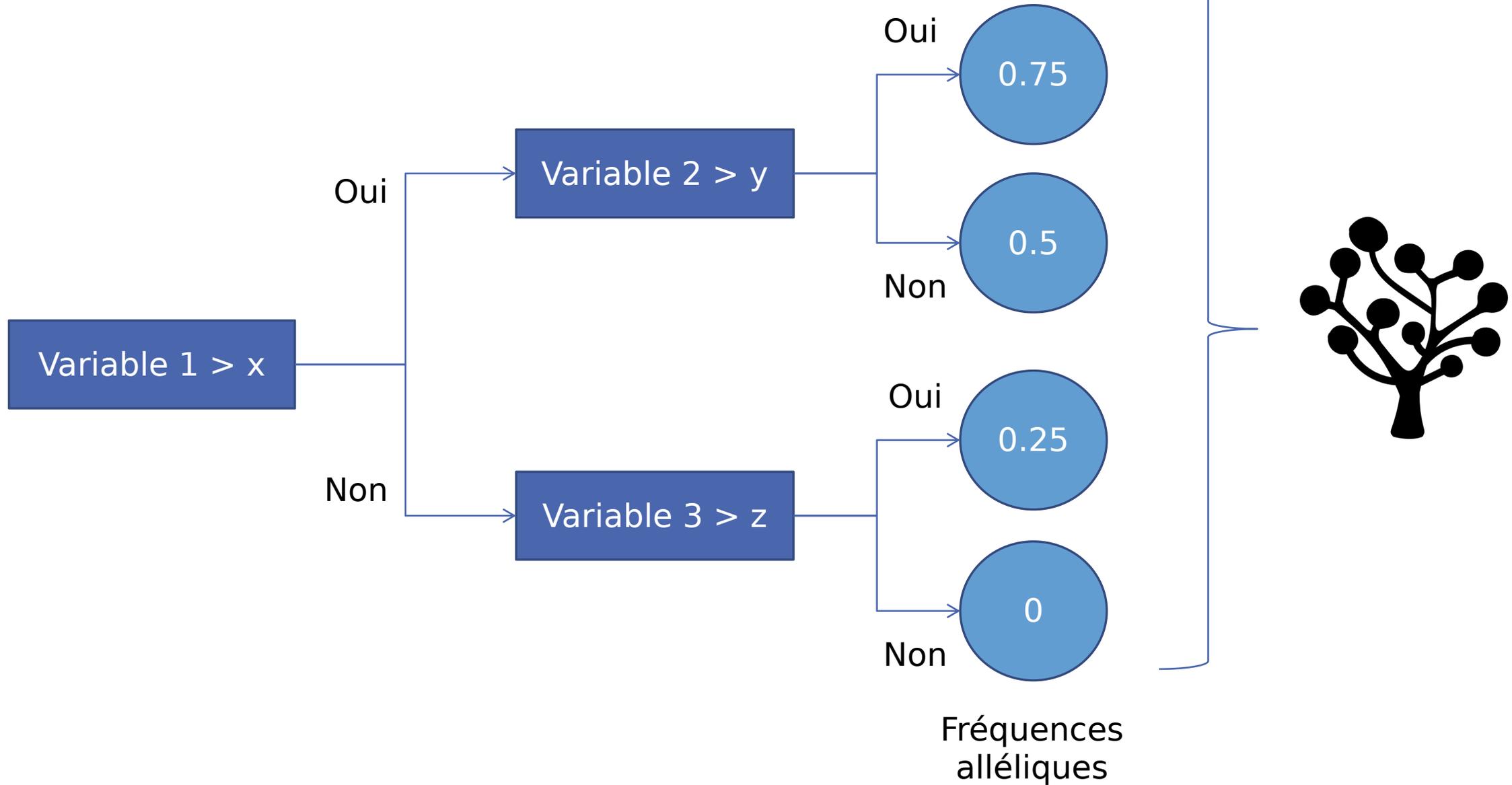
Arbre de décision pour chaque SNP :



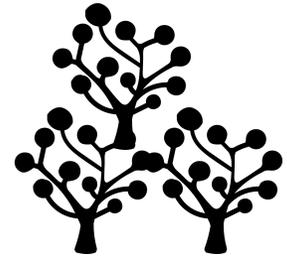
Arbre de décision pour chaque SNP :



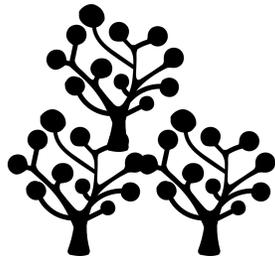
Arbre de décision pour chaque SNP :



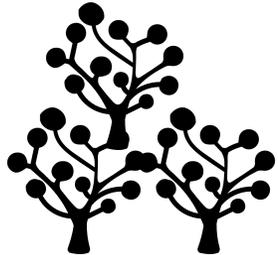
500 arbres



Forêt SNP 1

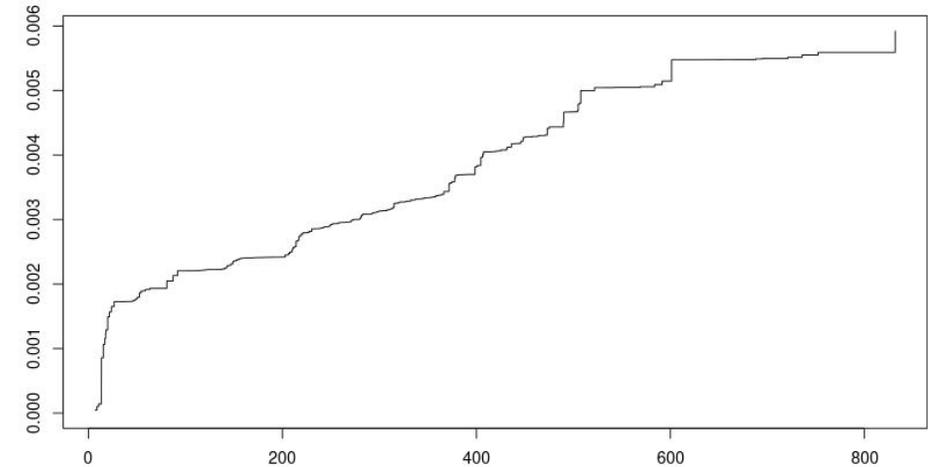


Forêt SNP 2



Forêt SNP x

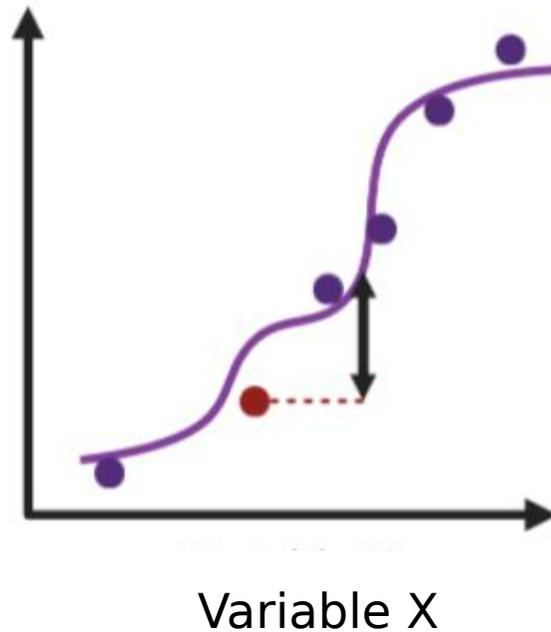
Importances cumulées
du changement des
fréquences alléliques
(=turnover) pour
chaque variable



Prise en compte des corrélations entre variables
Modélisation pour chaque SNP (tri des SNPs non informatifs)
Relation non linéaire

Prédiction :

Turnover
cumulatif
des SNPs
=
importance
cumulée



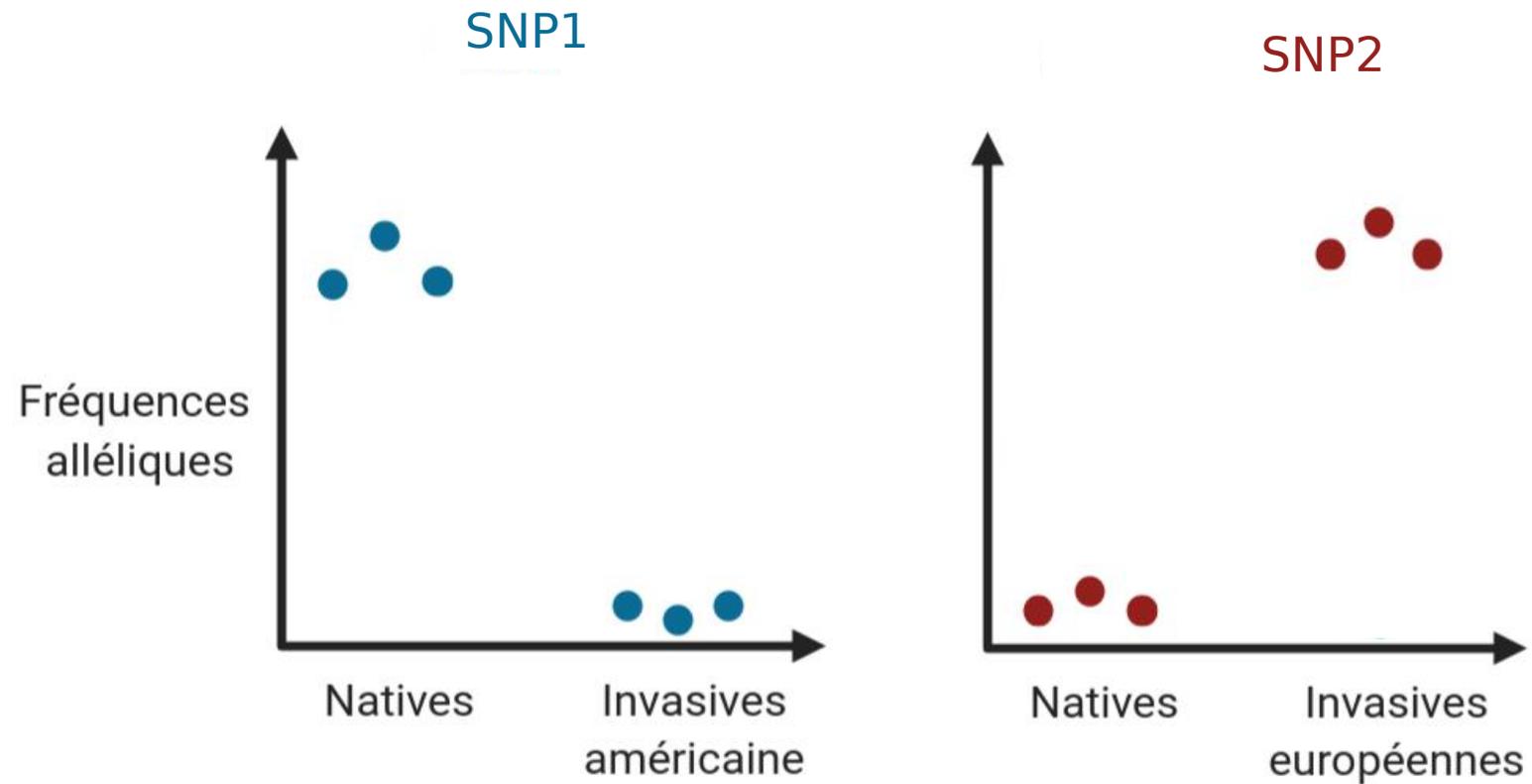
Distance pour l'importance
de toutes les variables, entre les
deux environnements
comparés

Pondération des variables !

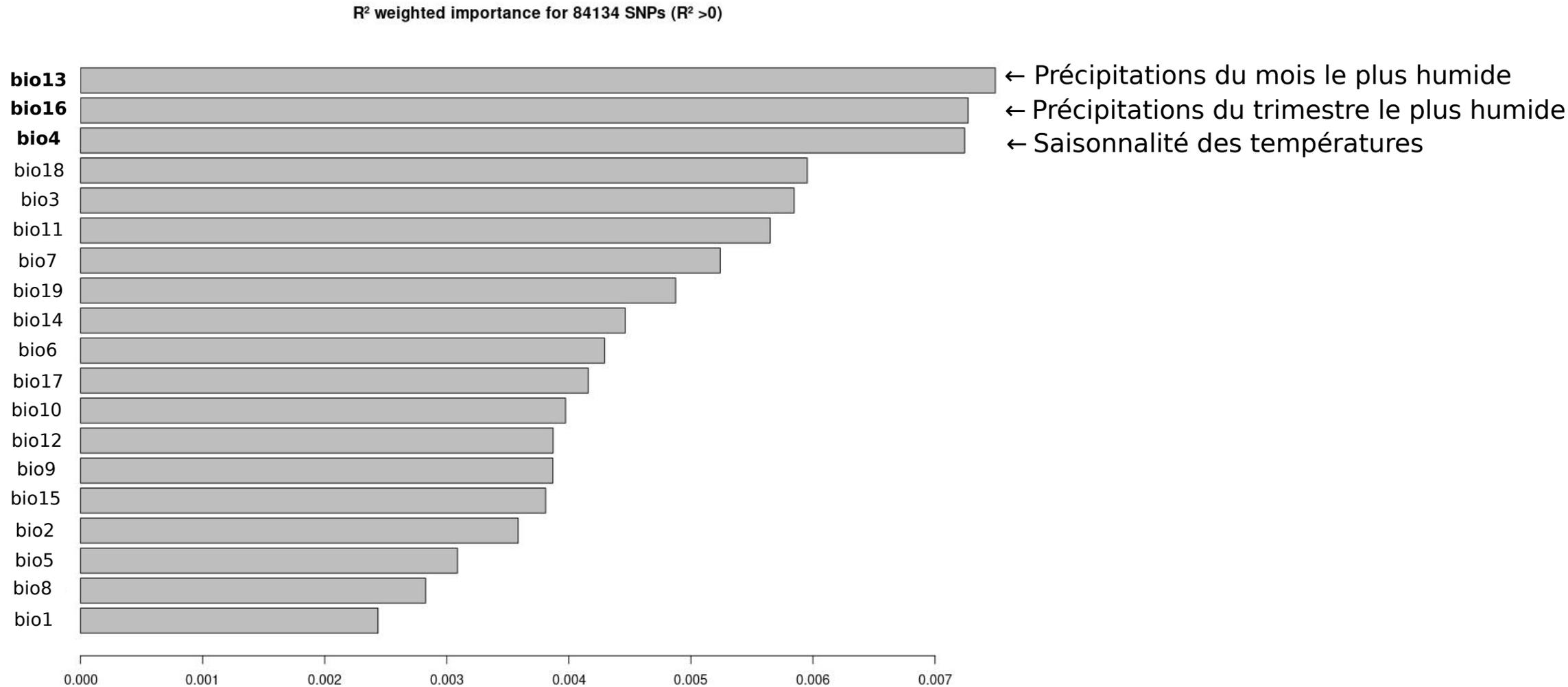
Genomic Offset spatial, entre la zone "source" de *Drosophila suzukii*, et les zones envahies

- Quelles variables sont le plus liées à l'invasion ?

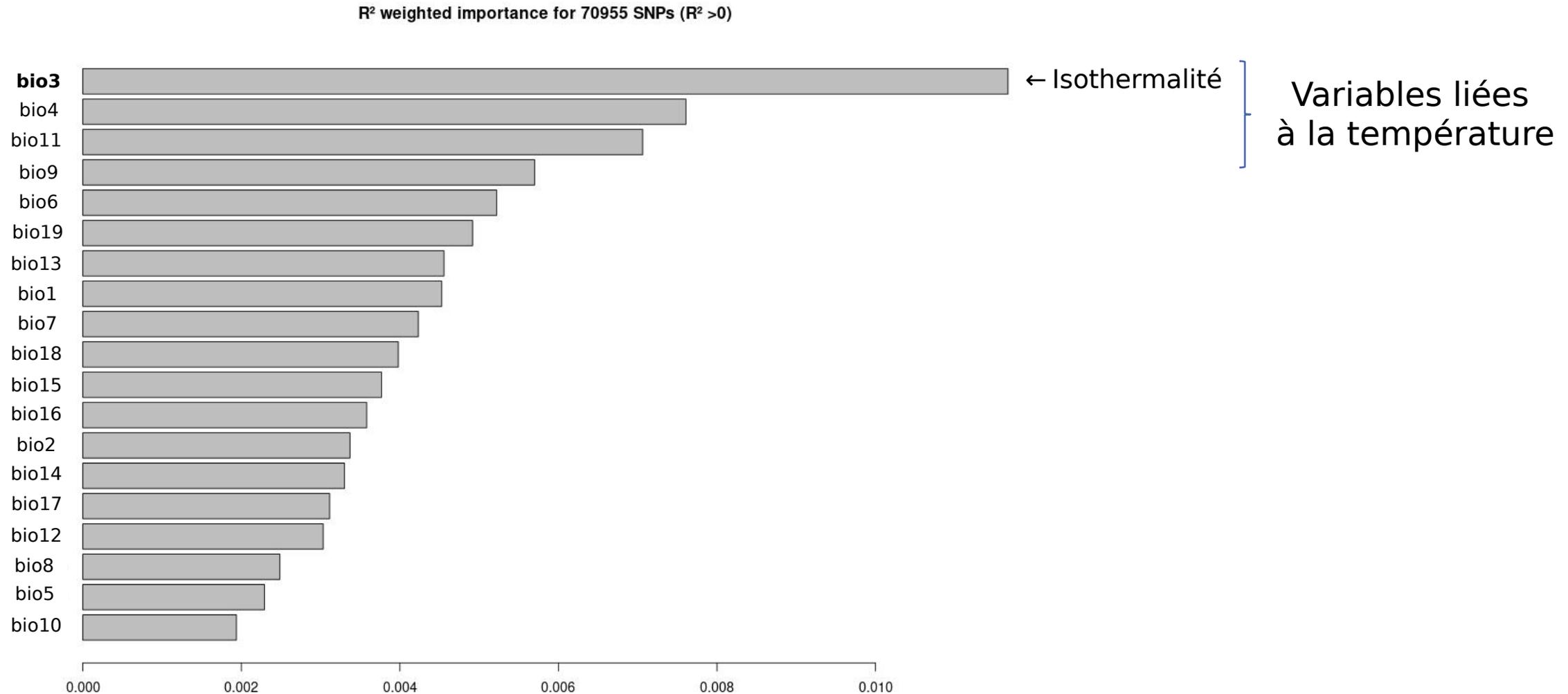
Indice de contraste (C2) :



- Quelles variables sont le plus liées à l'invasion, chez les populations invasives **européennes** ?

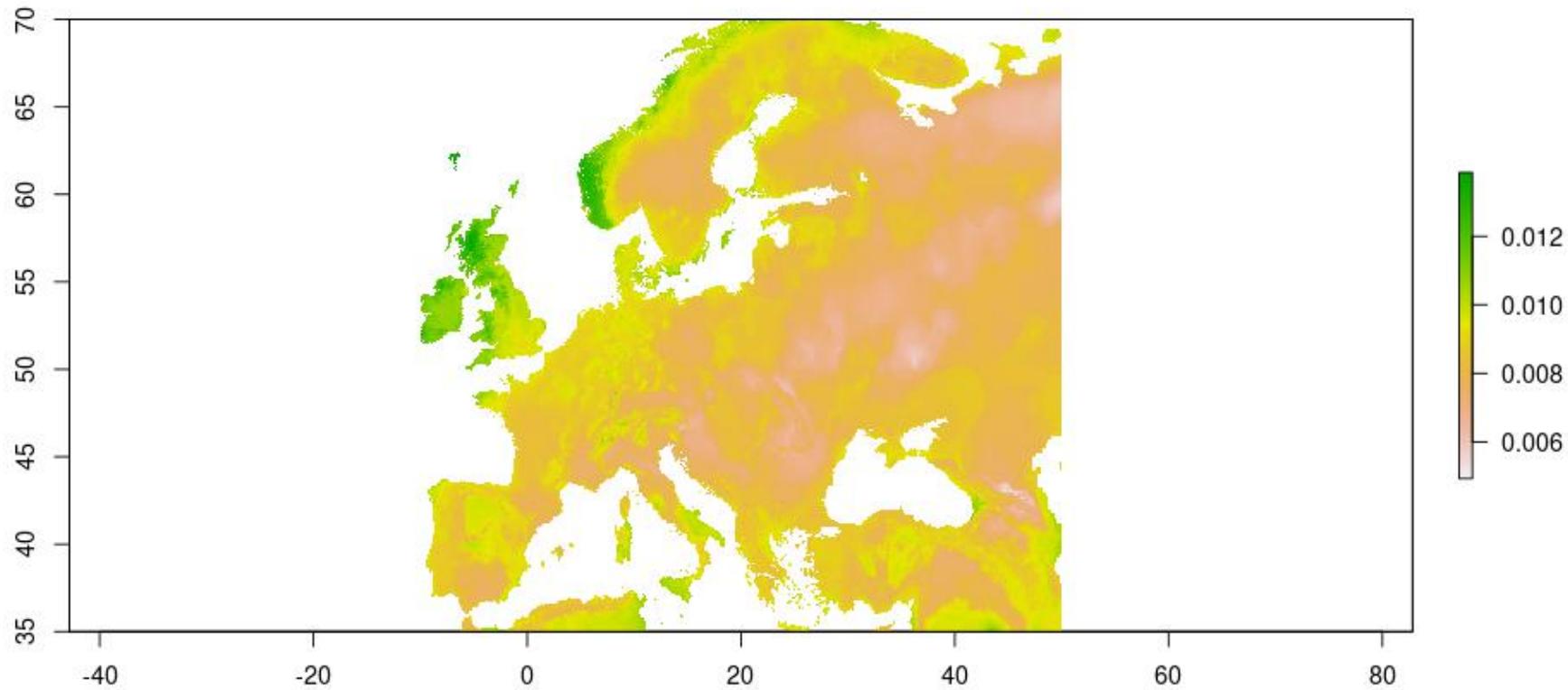


- Quelles variables sont le plus liées à l'invasion, chez les populations invasives **américaines** ?



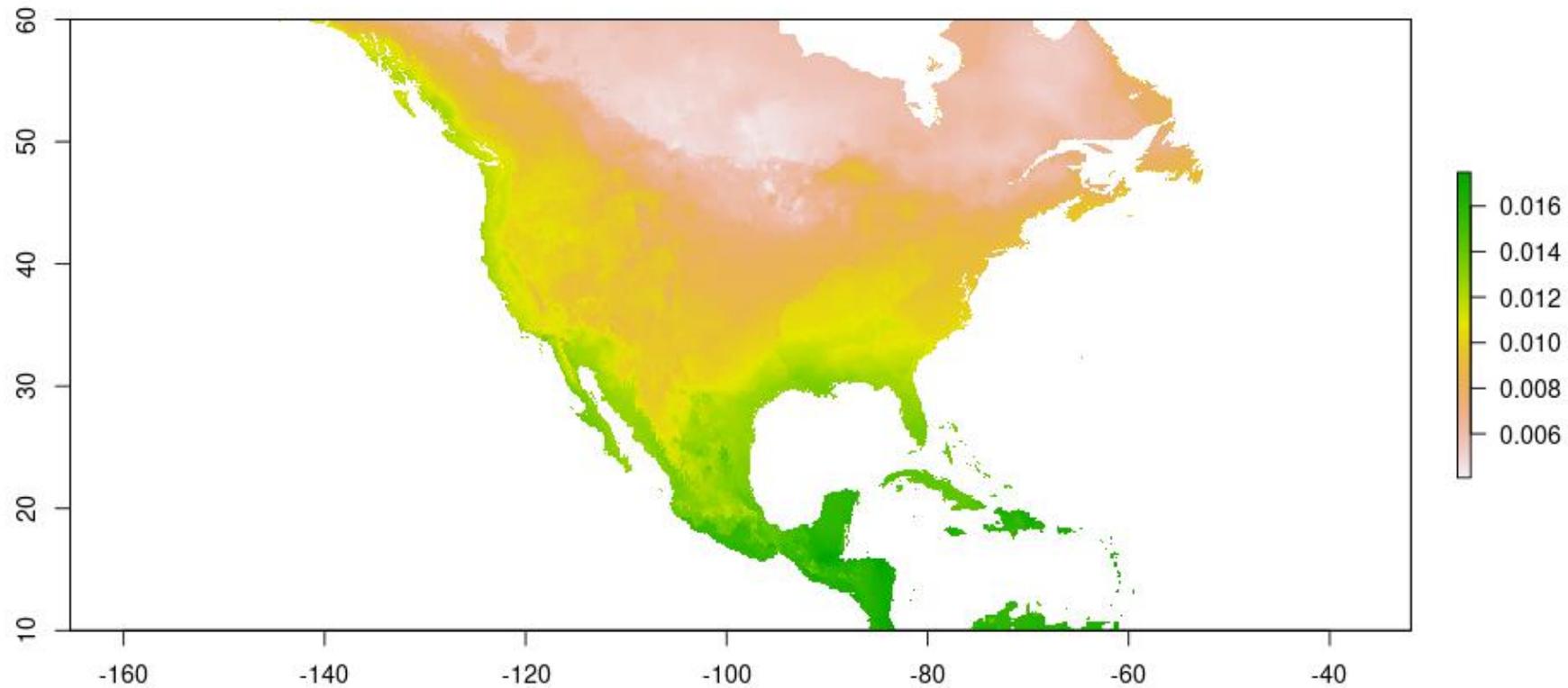
Genomic Offset de populations natives pour un environnement différent de celui de leur lieu d'origine

Genomic Offset (modèle "européen")



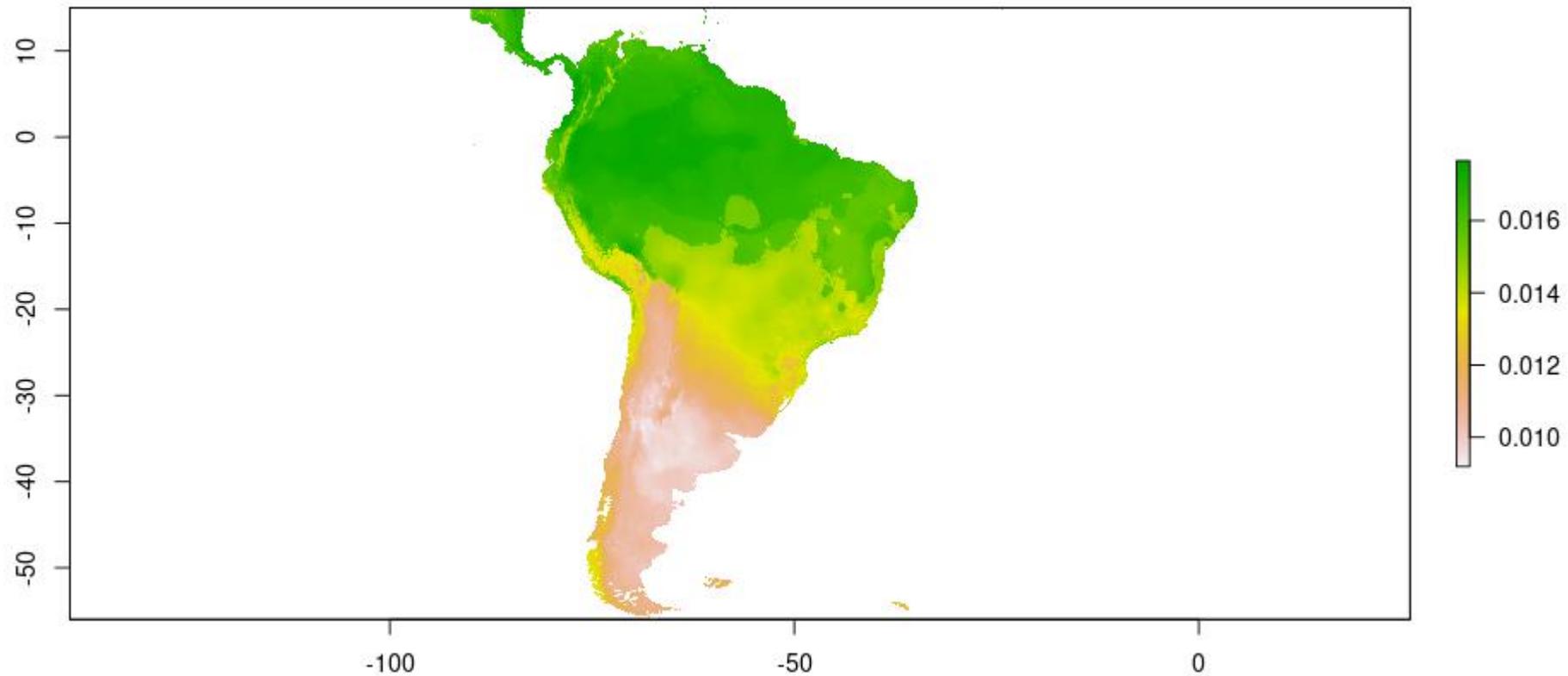
Genomic Offset de populations natives pour un environnement différent de celui de leur lieu d'origine

Genomic Offset (modèle "américain")



Genomic Offset de populations natives pour un environnement différent de celui de leur lieu d'origine

Genomic Offset (modèle "américain")



- Quelles variables sont les plus liées à l'invasion ?
 - Différentes en fonction du continent envahi : Précipitations et saisonnalité en Europe
Température en Amérique
 - Cohérent¹

- Quelles variables sont les plus liées à l'invasion ?
 - Différentes en fonction du continent envahi : Précipitations et saisonnalité en Europe
Température en Amérique
 - Cohérent¹
 - Probablement différentes bases d'adaptation au cours de l'invasion : intérêt de la génomique

¹Orsted (2019) , Wiman et al. (2015), Tochen et al. (2015)

- Quelle variables sont le plus liées à l'invasion ?
- Dans quelle mesure le Genomic Offset est-il un bon indicateur du potentiel invasif ?

Genomic Offset de populations natives pour un environnement différent de celui de leur lieu d'origine

- Quelle variables sont le plus liées à l'invasion ?
- Dans quelle mesure le Genomic Offset est-il un bon indicateur du potentiel invasif ?

Genomic Offset de populations natives pour un environnement différent de celui de leur lieu d'origine

→ En Europe : Genomic Offset globalement faible, sauf dans le Nord
Genomic Offset très faible dans des zones encore non envahies

- Quelle variables sont le plus liées à l'invasion ?
- Dans quelle mesure le Genomic Offset est-il un bon indicateur du potentiel invasif ?

Genomic Offset de populations natives pour un environnement différent de celui de leur lieu d'origine

- En Europe : Genomic Offset globalement faible, sauf dans le Nord
Genomic Offset très faible dans des zones encore non envahies
- En Amérique : Nord des Etats-Unis + Sud de l'Amérique = zones très favorables
Equateur = zone très défavorable

- Quelle variables sont le plus liées à l'invasion ?
- Dans quelle mesure le Genomic Offset est-il un bon indicateur du potentiel invasif ?

Genomic Offset de populations natives pour un environnement différent de celui de leur lieu d'origine

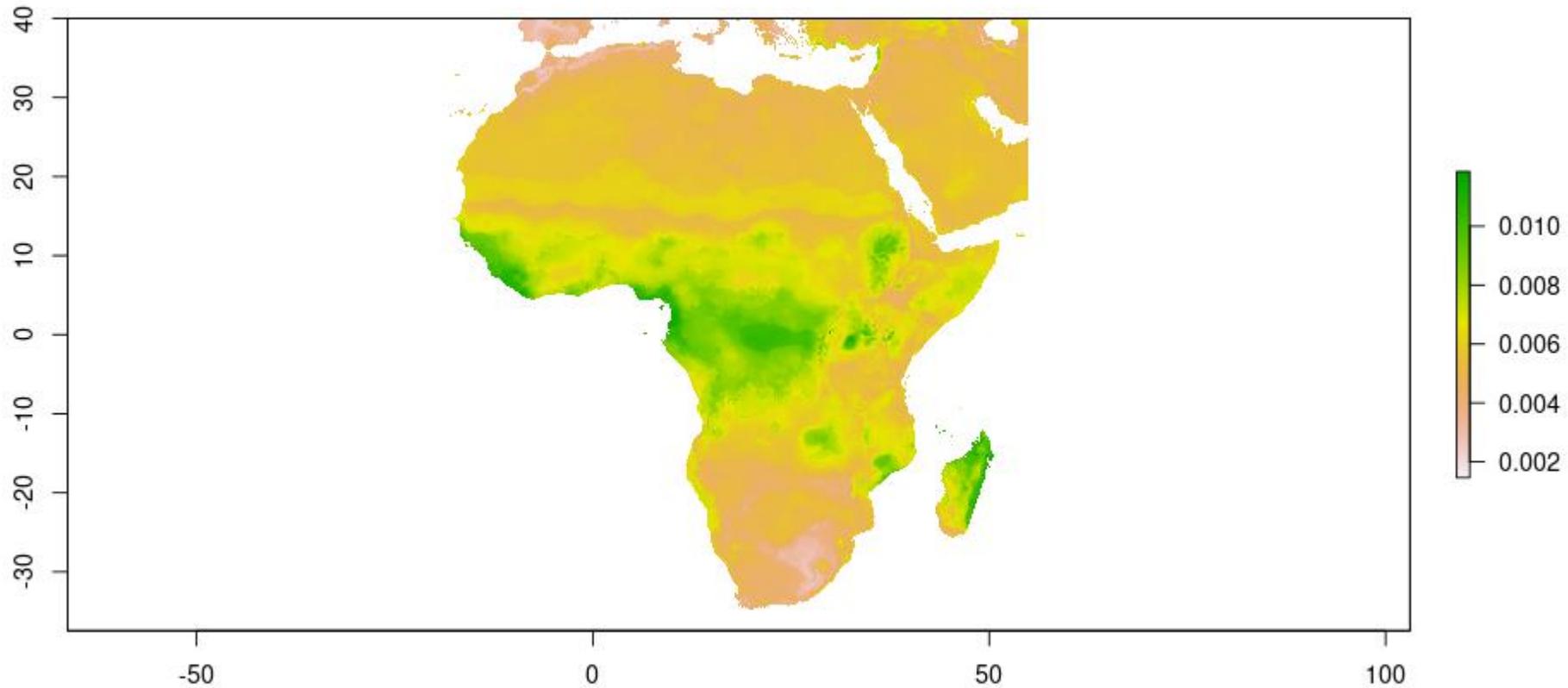
Le Genomic Offset est-il lié à ce que l'on connaît de l'invasion de *D. sukuzii* ?

Le Genomic Offset est cohérent :

- Aucune zone avec un Genomic Offset élevé ne fait partie des premières zones envahies.
- Les zones avec des Genomic Offset élevés font parties des zones envahies tardivement
- Mais les zones avec les Genomic Offset les plus faibles ne sont pas toujours les premières envahies : combinaisons de facteurs nécessaires.

- Le Genomic Offset est-il lié à ce que l'on connaît de l'invasion de *D. sukuzii* ?

Genomic Offset (modèle "européen") entre l'Espagne (Barcelone) et l'Afrique



- Quelle variables sont le plus liées à l'invasion ?
- Dans quelle mesure le Genomic Offset est-il un bon indicateur du potentiel invasif ?

Genomic Offset de populations natives pour un environnement différent de celui de leur lieu d'origine

Le Genomic Offset est-il lié à ce que l'on connaît de l'invasion de *D. sukuzii* ?

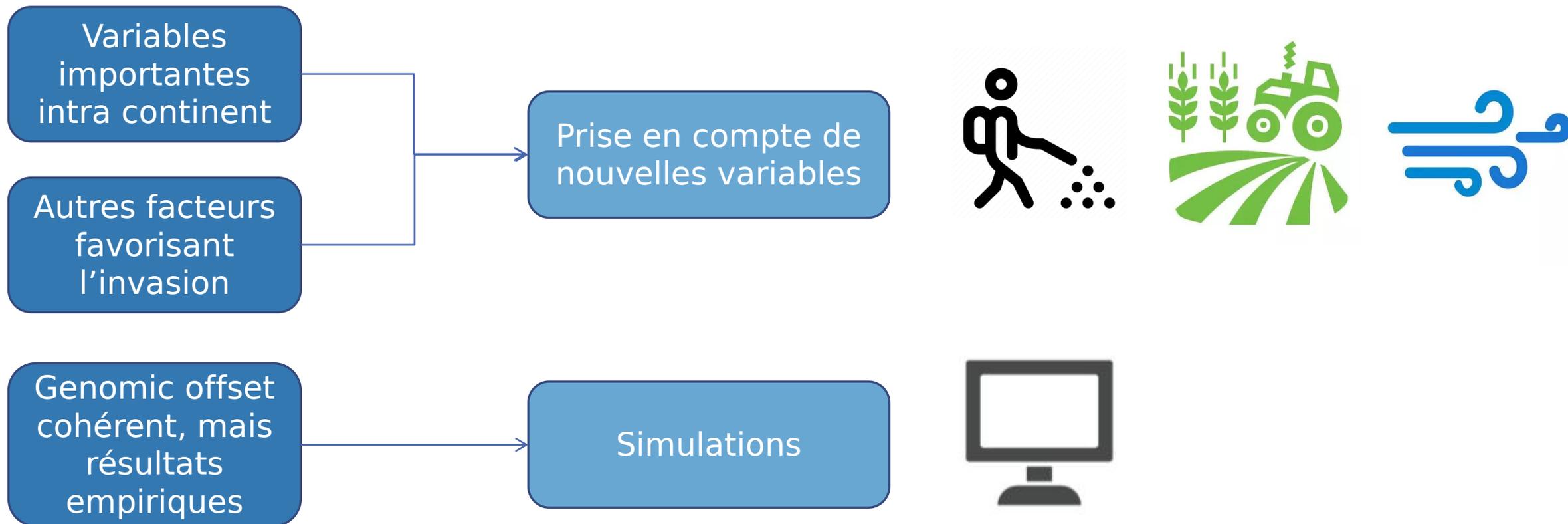
Le Genomic Offset est cohérent :

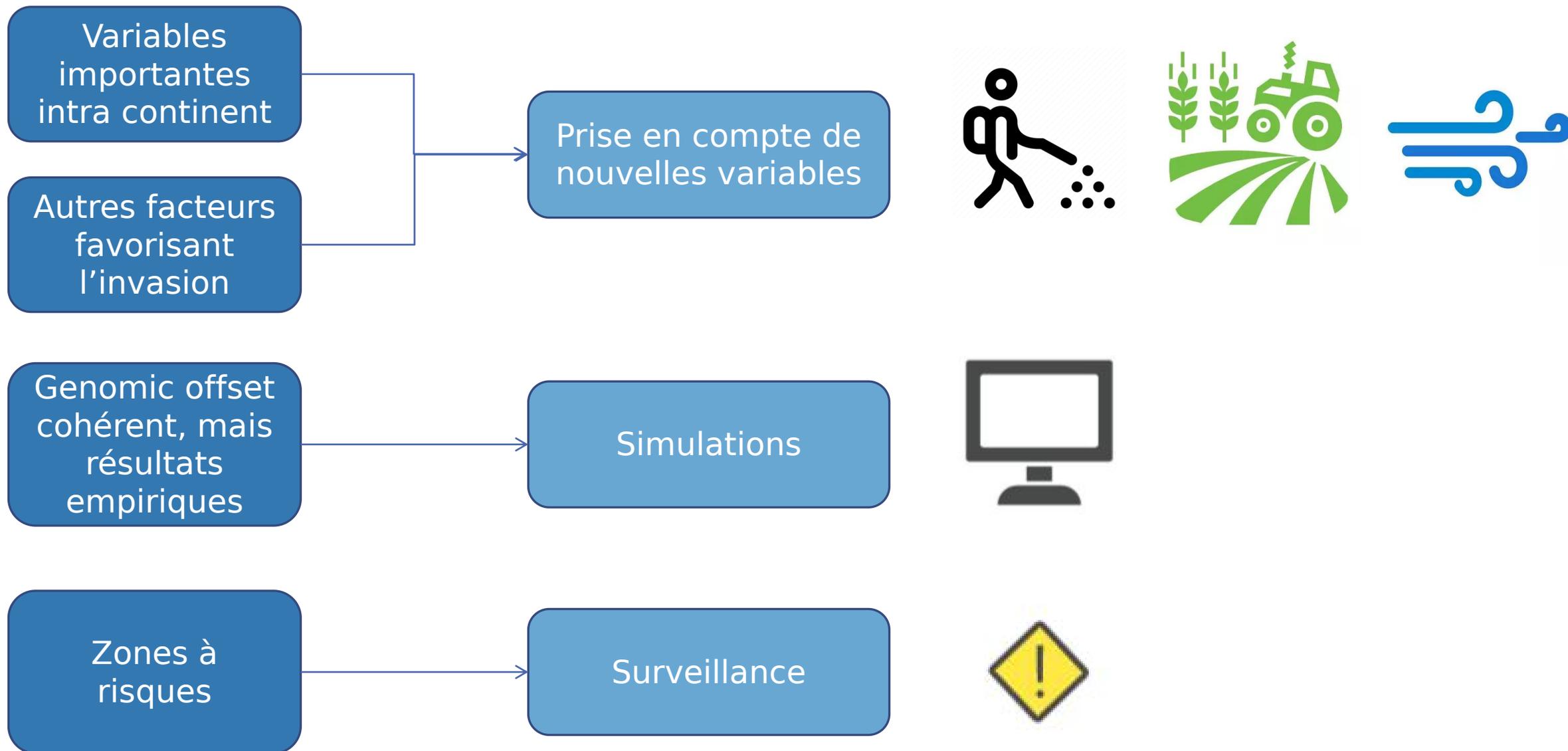
- Aucune zone avec un Genomic Offset élevé ne fait partie des premières zones envahies.
- Les zones avec des Genomic Offset élevés font parties des zones envahies tardivement
- Mais les zones avec les Genomic Offset les plus faibles ne sont pas toujours les premières envahies : combinaisons de facteurs nécessaires.

→ Zones à risque !



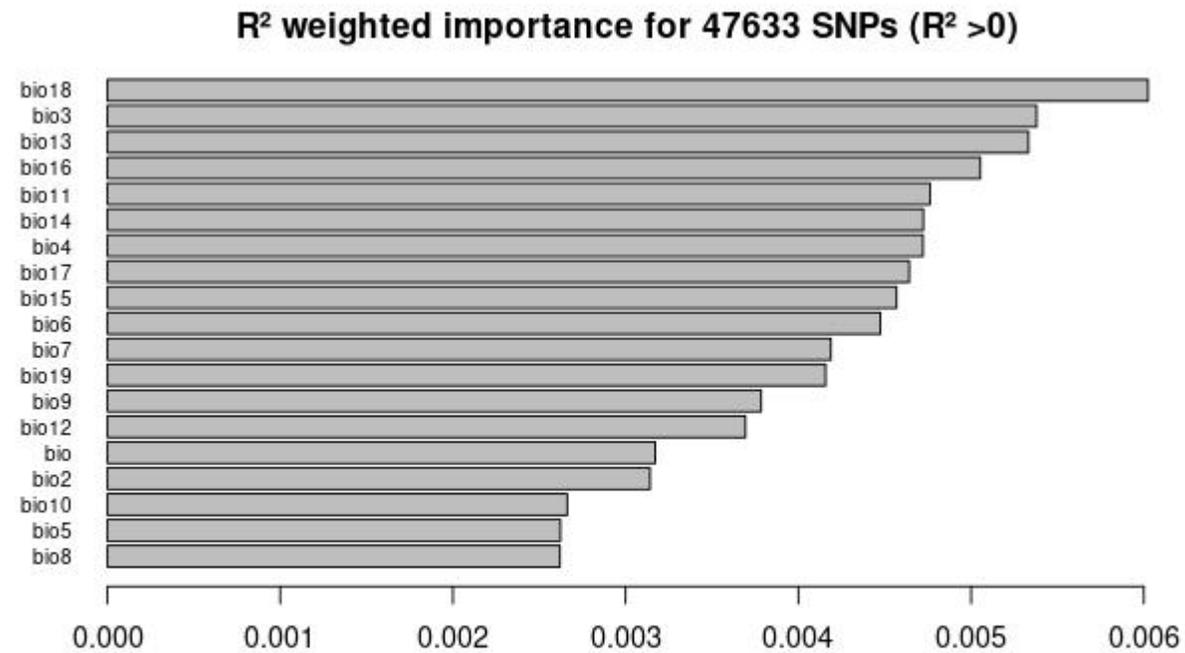






Merci de votre attention !

Avec le même nombre de SNPs sélectionnés au hasard



Genomic offset (modèle "américain")

