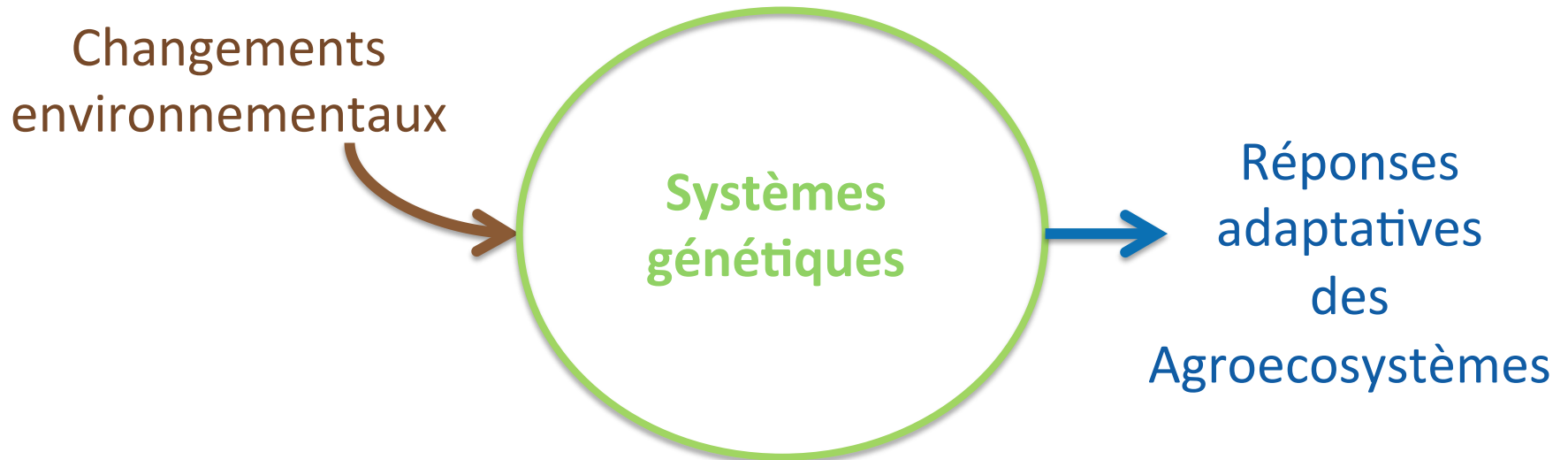


Objectifs du FP2

Comprendre et améliorer les capacités adaptatives des agro-écosystèmes par la connaissance de la génétique et de l'évolution
(Stéphane Dupas, Maud Tenaillon)



Axe 1: Bases génétiques et épigénétiques de la diversité adaptative

Axe 2: Incidence des pratiques humaines sur la diversité

Axe 3: Modélisation de l'évolution de la diversité en intégrant les variations spatio-temporelles

4 laboratoires partenaires BASC



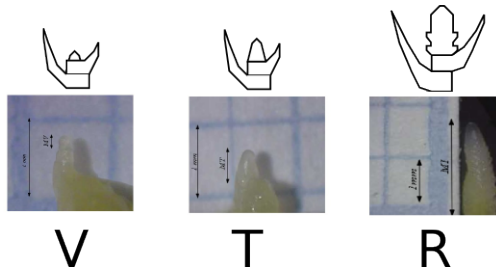
- ✓ Recrutements pluriannuels, développement et partage d'outils
- ✓ Soutien de programmes de recherche
- ✓ Emergence de nouveaux projets
- ✓ Journées scientifiques

Axe 1:

Bases génétiques et épigénétiques de la diversité adaptative

5 géotypes contrastés pour leur date de transition florale

Genotype	Leaf stage						
	L6	L7	L8	L9	L10	L11	L12
<i>FE36</i>	V	T	R	R			
<i>FL317</i>	V	V	T	R			
<i>FL27</i>			V	T	R	R	
<i>ME52</i>		V	V	T	R	R	
<i>ML40</i>			V	V	T	R	

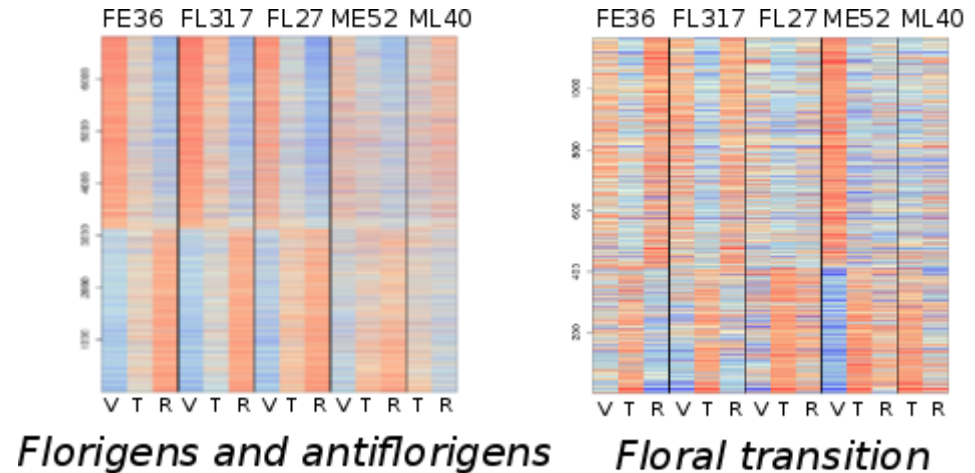


Analyse RNA-Seq du méristème apical
Au cours de la transition florale

30 000 gènes différentiellement exprimés, dont

~ 7000

~ 1500



Développements méthodologiques pour analyse RNAseq
Meilleure compréhension des déterminants génétiques du cycle de vie du maïs

Stage M2 de Matthieu Bodet



Cotesia typhae
Endoparasite
des chenilles
en Afrique



Sesamia nonagrioides
Chenille ravageuse
du maïs en France
= nouvelle population hôte pour *Cotesia*



Chrysalide : résistance au parasitisme par
Cotesia



Cocons parasites : inactivation des défenses
immunitaires de la chenille par *Cotesia*

Données :

- le parasite femelle injecte des particules virales en même temps que ses œufs et inactive ainsi les défenses immunitaires des chenilles
- Une souche de *Cotesia* (C+) inactive mieux les défenses immunitaires du nouvel hôte qu'une autre (C-), et produit une descendance plus nombreuse.

Hypothèse : la souche C+ pond un plus grand nombre d'œufs dans une chenille et injecte plus de particules virales : lien entre comportement de ponte et virulence ?

Méthodes : Interruption de la ponte pour diminuer le nombre d'œufs injectés

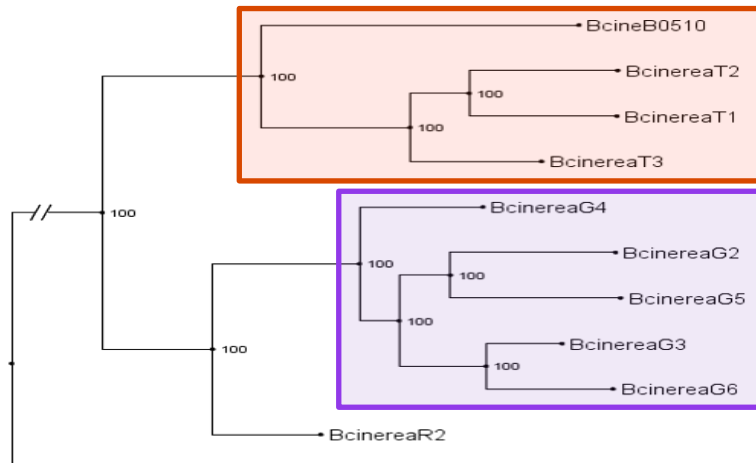
Résultats : corrélation positive entre durée de ponte, expression des gènes de virulence et nombre de descendants

Hypothèse validée : une variation inter-souches du comportement de ponte entraînerait leur différence de virulence envers une nouvelle population hôte

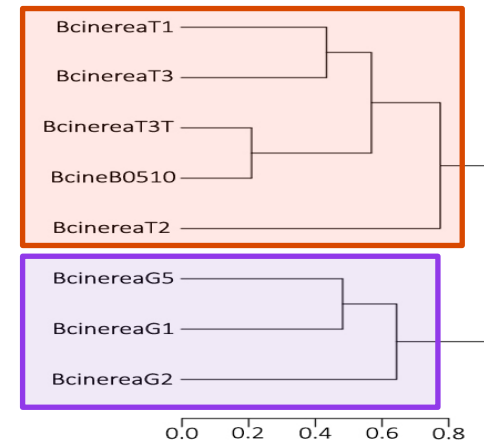
Objectif : Identifier les déterminants génomiques de la spécialisation partielle à l'hôte.

Démarche : Séquençage des génomes fongiques et recherche de régions divergentes ou soumis à pression sélective, analyse des répertoires de petits ARN interférents (effecteurs).

Généalogies génomiques sur la base des SNPs



Dendrogramme de regroupement des petits ARN



Faits marquants :

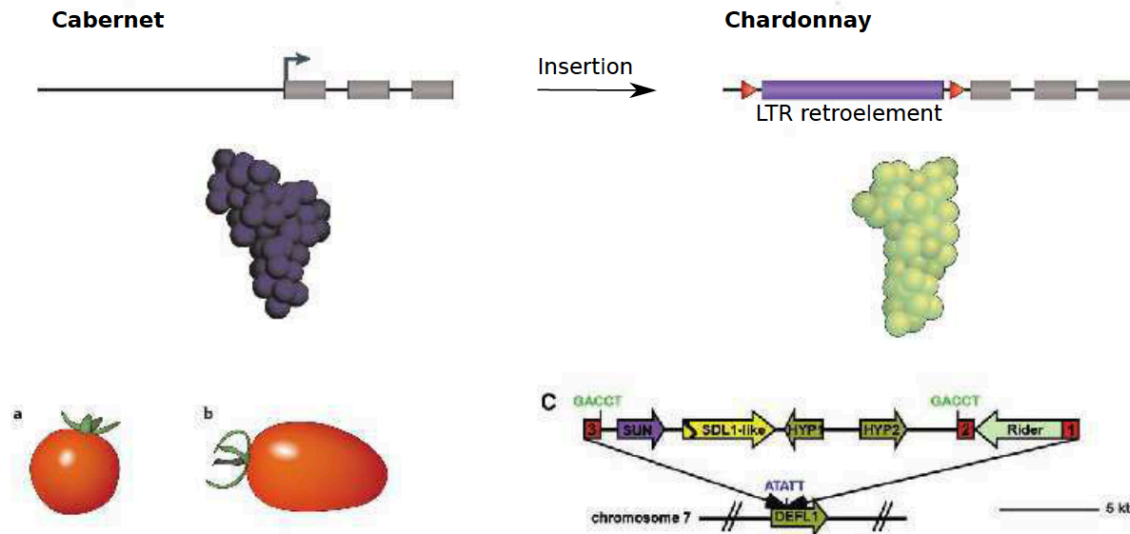
Des lignées génomiques associées à certains hôtes (tomate et vigne)

Des gènes sous pression diversifiante

Des petits ARN spécifiques de chaque lignée

→ Validation
fonctionnelle des
candidats (Thèse en cours)

Les variants structuraux contribuent à la variation phénotypique et peuvent donc être potentiellement adaptatifs



Recrutement pour 2 ans d'un ingénieur d'étude pour développer et partager des outils de détection de ces variants: **Yasmine Nooroya**

Une session de formation en septembre 2015, 16 participants
« Détection de variants structuraux par reséquençage »

Nature et rôle des VS dans les génomes de champignons phytopathogènes



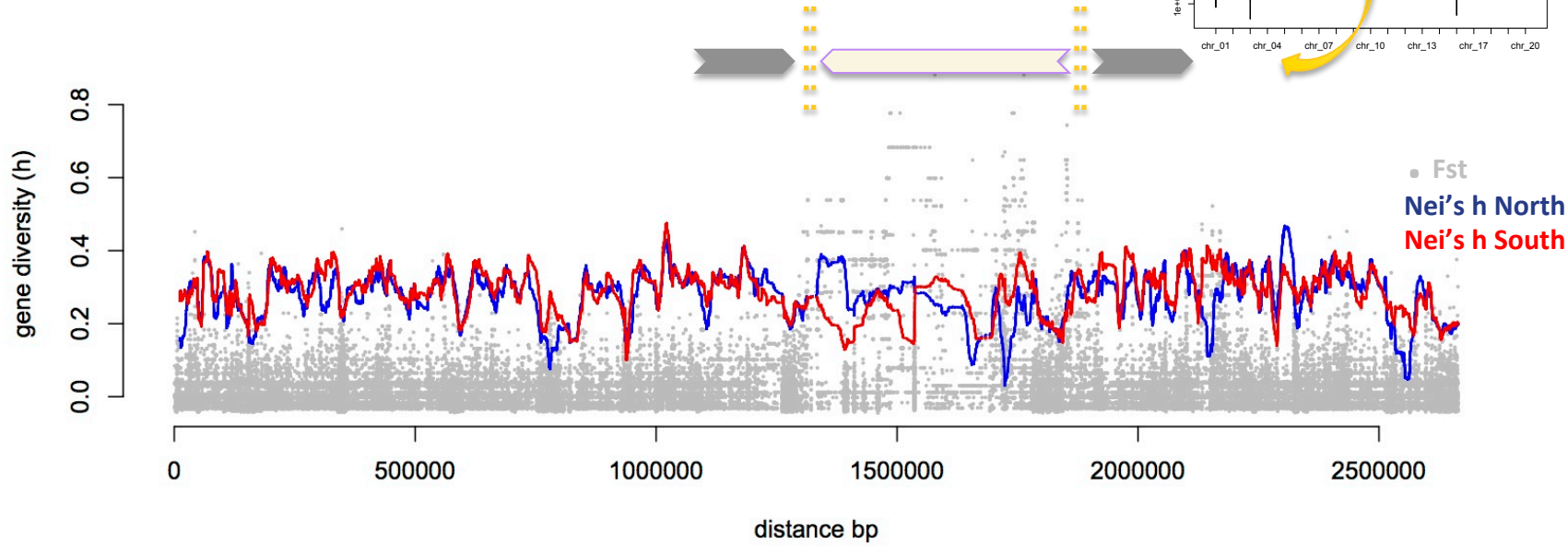
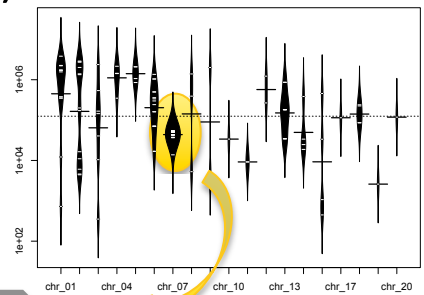
27 génomes de *Zymoseptoria tritici* (40Mb, 13 core chromosomes, 8 mini chromosomes)



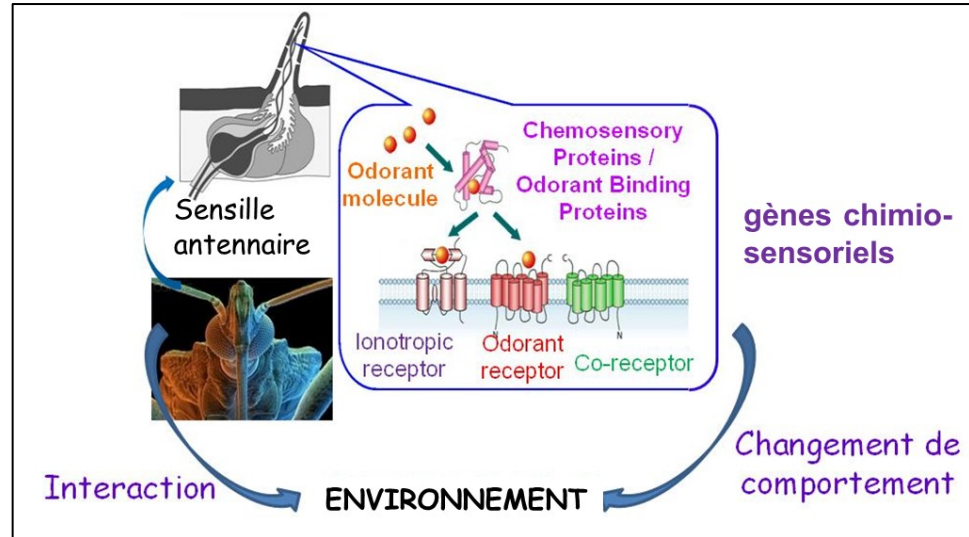
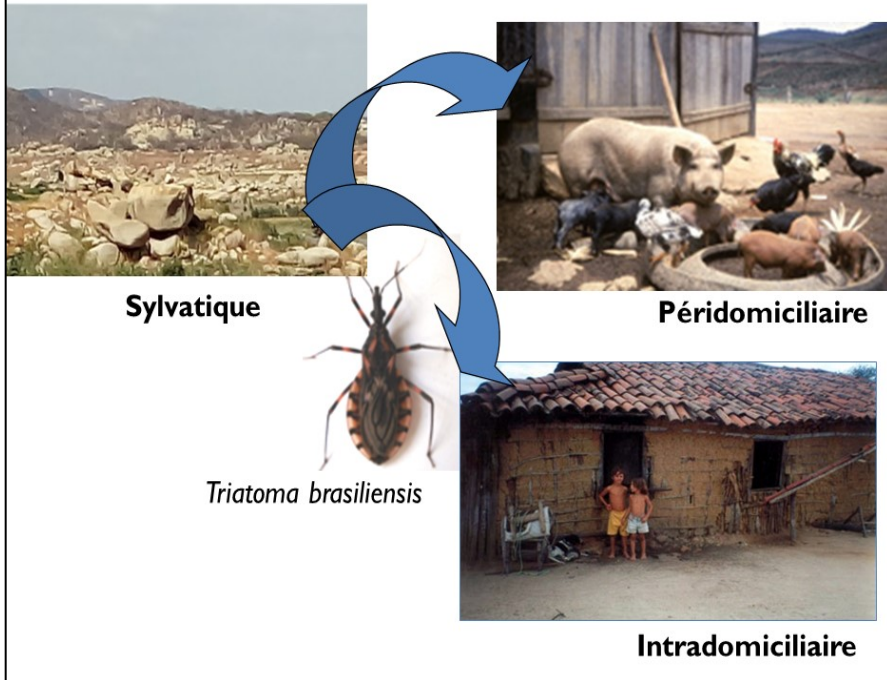
Détection des VS (Y. Nooroya)
Outils : Pindel + Breakdancer



- 1769 délétions (dispensome)
- 112 inversions (distribution hétérogène)



Processus de domiciliation



Objectif : Expliquer l'adaptation des insectes à un nouvel environnement par l'évolution des gènes du système chimiosensoriel

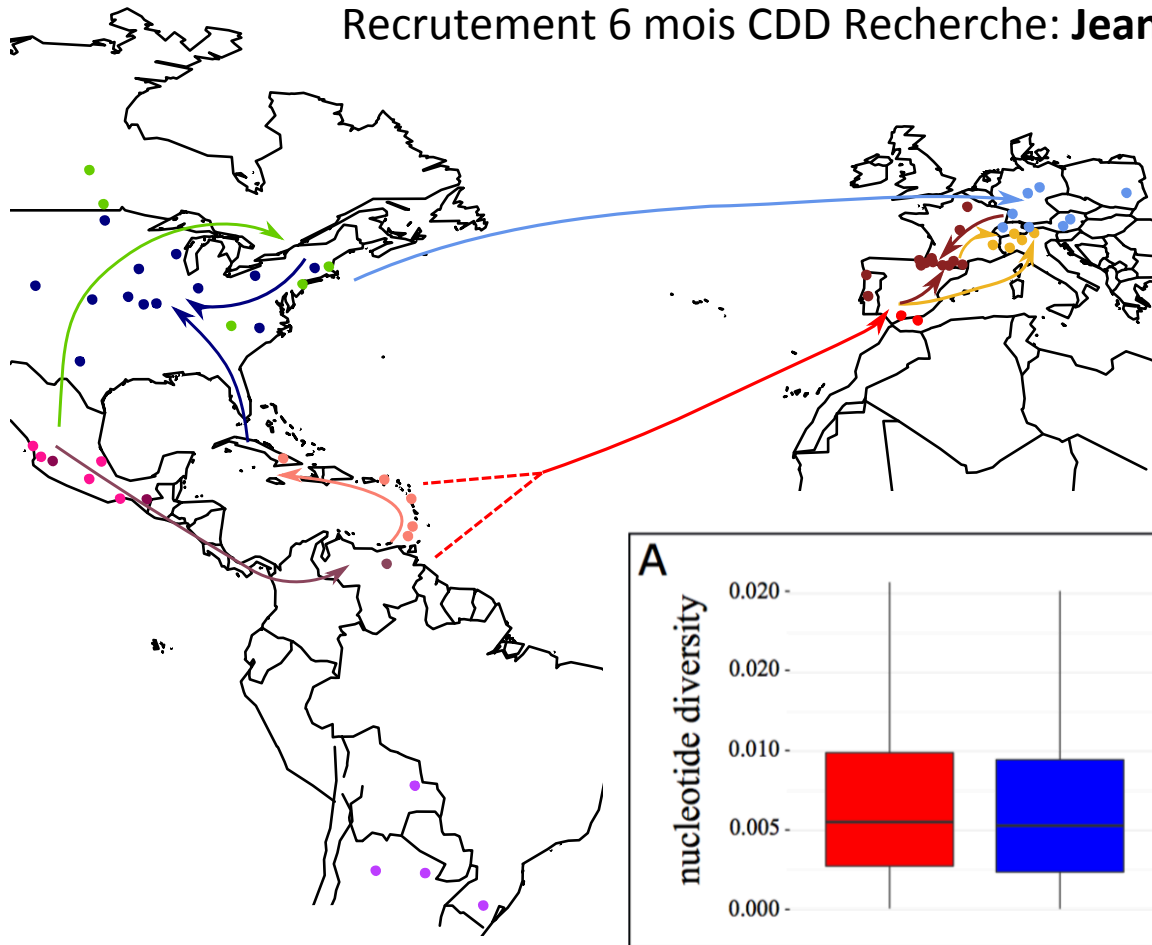
Matériel : Populations brésiliennes de *Triatoma brasiliensis*

Résultats : Mise en évidence d'une plasticité comportementale en lien avec la domiciliation des vecteurs, indiquée par la sous-expression de gènes chimiosensoriels probablement liée à la plus grande accessibilité et prédictibilité des hôtes dans les zones domiciliaires par rapport aux zones sylvatiques.

Axe 2:

Incidence des pratiques humaines sur la diversité

Recrutement 6 mois CDD Recherche: **Jean-Tristan Brandenburg**



Deux introductions indépendantes en Europe
Peu de perte de diversité associée à ces introductions
L'admixture contribue à l'adaptation aux latitudes moyennes



Mailys Gauthier: Stage M2 Biodiversité, écologie, évolution – parcours biologie de la conservation

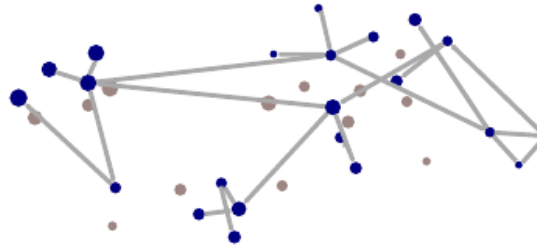
- Forte pression anthropique sur les milieux humides du plateau de Saclay
- ➔ Caractérisation de la présence et de la virulence de *Batrachochytrium dendrobatidis* (*Bd*) pour mieux comprendre le rôle de l'anthropisation des milieux dans l'infection par *Bd*
- 16 mares et 11 espèces d'amphibiens échantillonnées

Présence d'amphibiens porteurs de *Bd* dans deux mares
Probabilité d'infection dépendante de la période de l'année

Stage M2, Anne Miramon

Objectif:

- Développer un outil (logiciel de simulation) pour étudier l'impact de la circulation des semences et des pratiques de gestion au sein de réseaux de gestion à la ferme / *in situ* sur la dynamique de la diversité cultivée gérée



Résultat:

- CropMetaPop = un logiciel (codé en python utilisant la bibliothèque SimuPop) qui simule l'évolution d'une métapopulation cultivée et rend compte des différentes forces évolutives (dérive génétique, sélection, mutation, migration) et de processus démographiques (croissance des populations, extinction, colonisation).

Perspectives:

- Utiliser le modèle pour explorer différents scénarios de gestion de la diversité cultivée, co-construits avec les organisations impliquées dans cette gestion

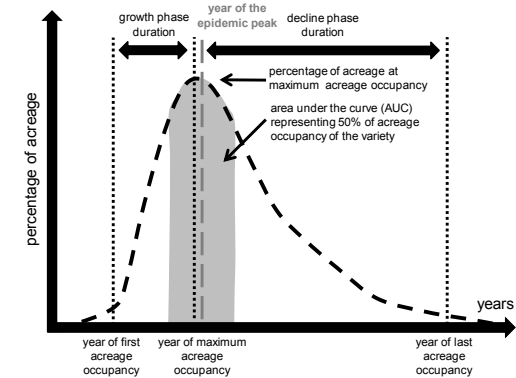
Collaborations internationales: projet européen H2020 Diversifood

Stage M2, Solène Dignet

Les épidémies de rouille jaune peuvent entraîner le retrait rapide du marché de variétés de blé très sensibles.

Pour étudier l'impact des maladies sur le cycle de vie des variétés, nous avons proposé **4 indicateurs clé**

- Durée totale de commercialisation
- Durée de la phase de croissance:
 - Durée
 - Proportion de l'aire sous la courbe
- Synchronicité entre début de décroissance et pic épidémique



Schematic representation of a commercial life cycle of a variety and its main simple indicators

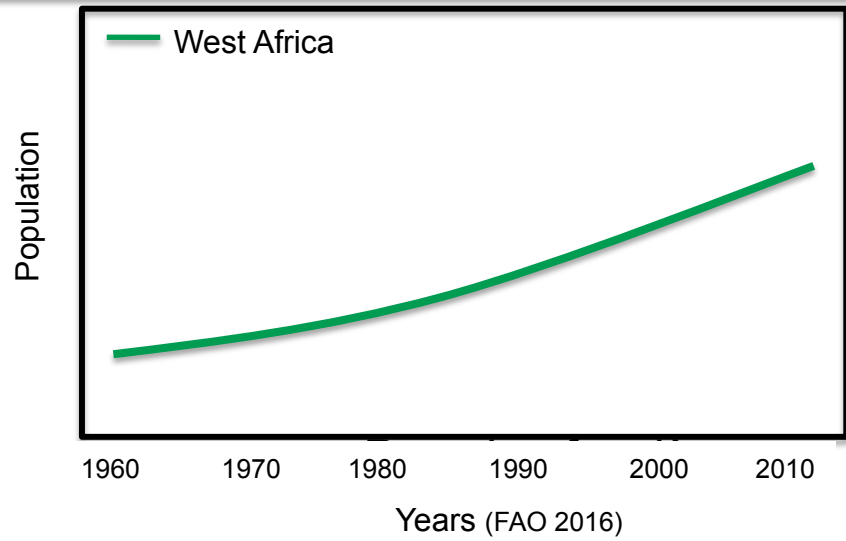
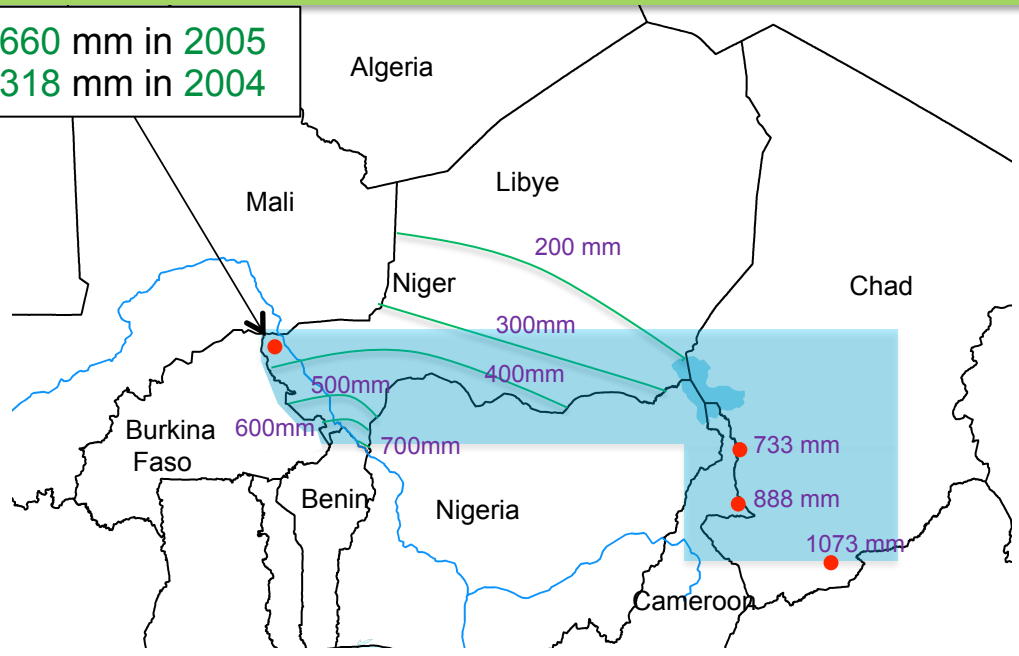
Dans une étude centrée sur le nord de la France, entre 1987-1991, les indicateurs ont permis d'identifier 5 variétés qui ont subi un retrait rapide du marché suite à un contournement de résistance, ainsi que 2 variétés possédant des résistances durables.

La méthodologie proposée pourrait être généralisé à d'autres espèces et d'autres pathogènes pour aider les sélectionneurs à repérer des variétés porteuses de résistances durables.

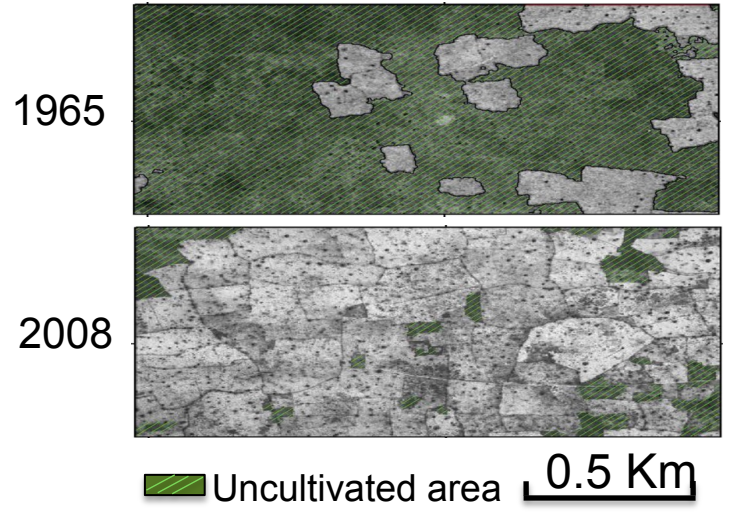
Gene flow and pearl millet (*Pennisetum glaucum*) genetic resource evolution in the Lake Chad Basin: Role of socio-cultural diversity.

Supervisor: Thierry Robert & Toudou Adam

660 mm in 2005
 318 mm in 2004



Population explosion
 ↓
 increase in cultivated areas
 ↓
 changes in practices (fallows,..)



Emeterio et al (2013)

Pearl millet: functional and symbolic cereal

Pennisetum glaucum: sahelian major crop tolerant to drought and poor soil ; High outcrossing rate ($\approx 100\%$).



Staple food,
beverages (beer
and others)

Used for
feeding
animals

The stems are
used as
construction
material and as
fuel.



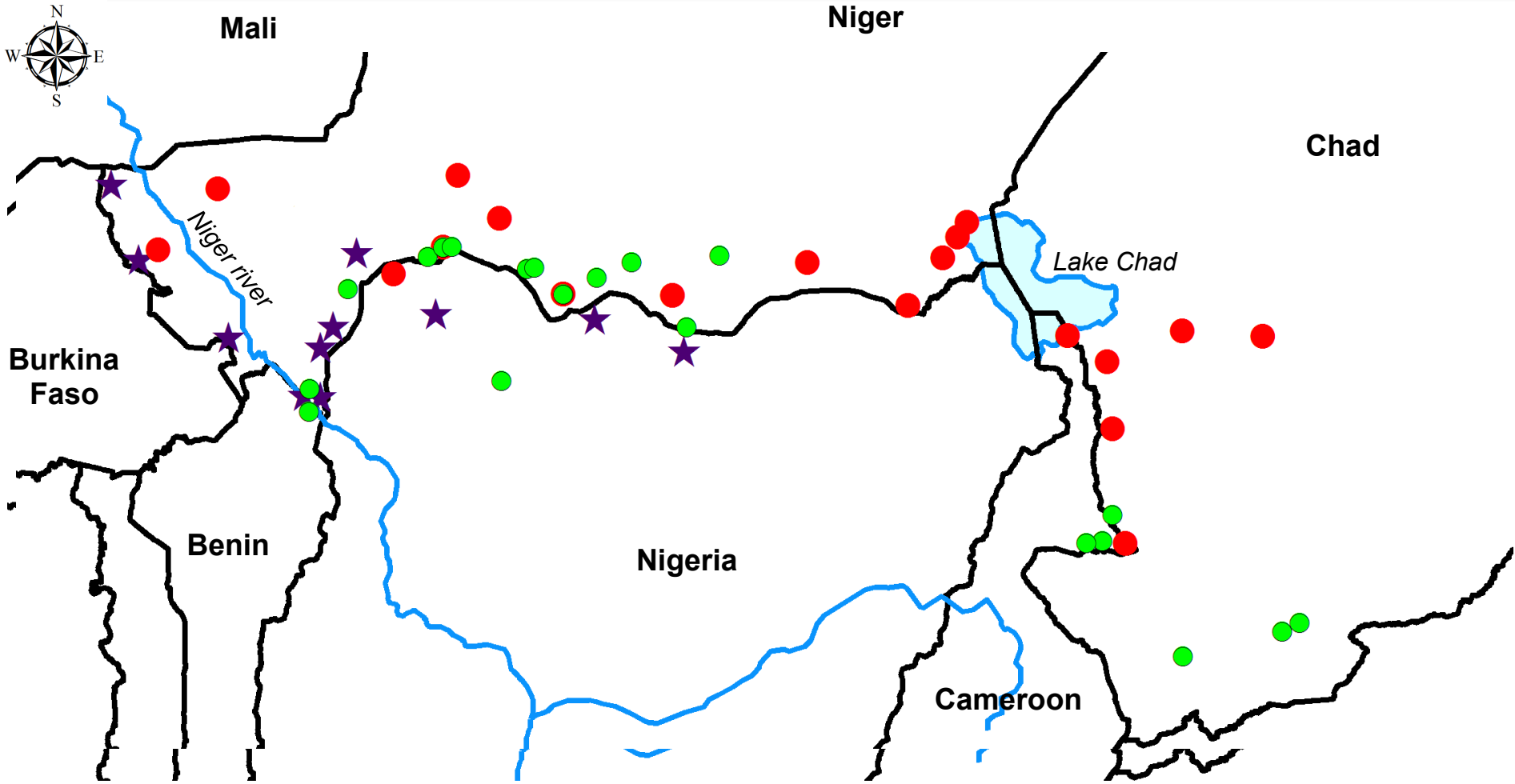
www.ceg.icrisat/ipgsc.html

For farmers there is two groups: "early" and "late" landraces (Formerly managed and valued differently).

Anthropological inquiries showed a strong landrace fidelity.

When farmers lose their seed stocks, they prefer to look for seeds from the relatives or neighbours.

- 1- Are there **social barriers** to **seed flow** among pearl millet landraces ?
- 2- Which **mechanisms** are **involved** in **cycle length evolution** ? How is this trait driven by farmers' practices ?
- 3- Farmers always point **taste differences** between **early** and **late** landraces. This suggests a **huge diversity** in the biochemical compounds among landraces.

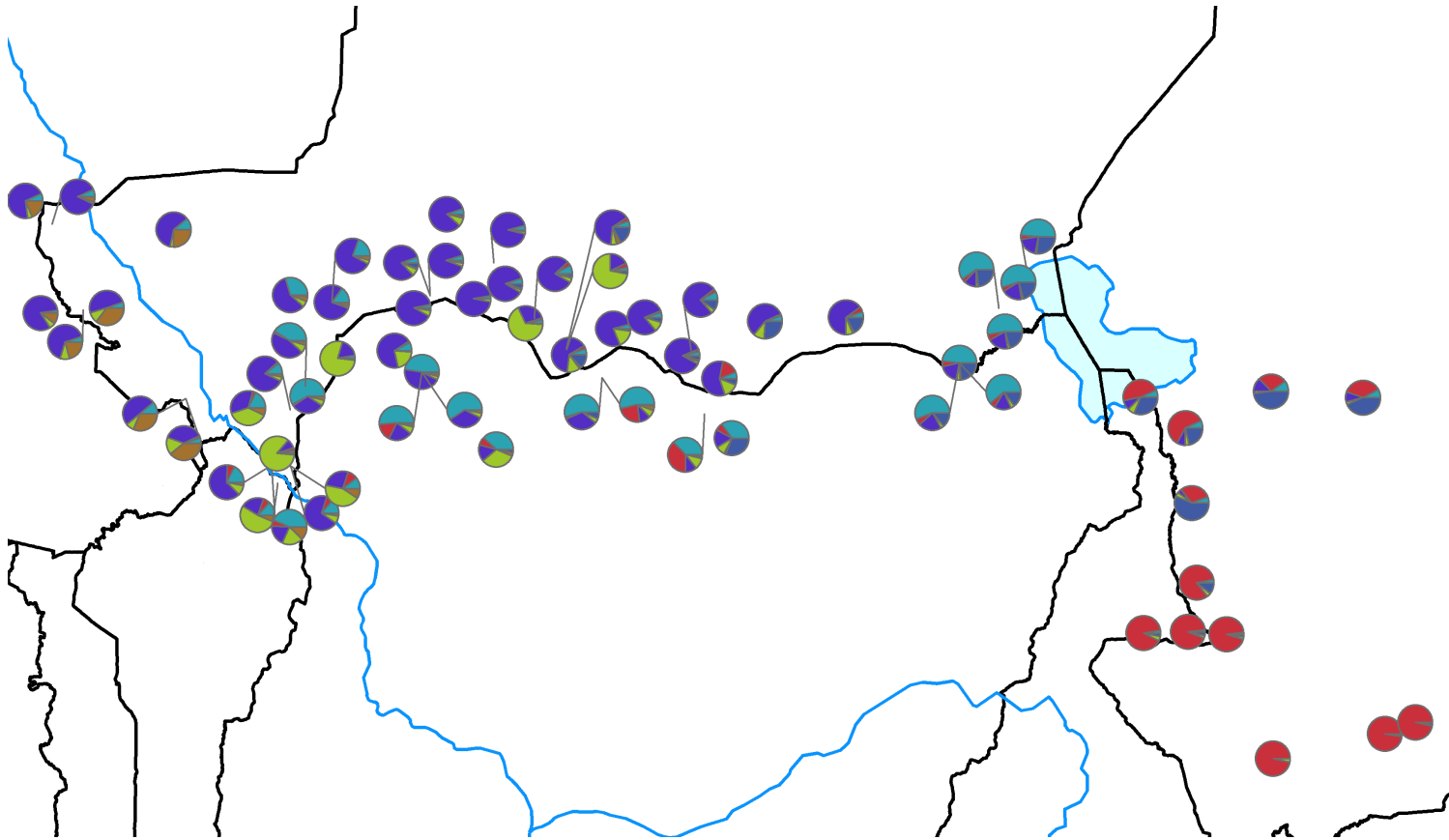


- late landraces
- early landraces
- ★ couple of early and late landraces collected in the same farm

Journées BASC 3-4 mai 2017, *Naino et al.*

K = 6; 69 populations, 17 SSR

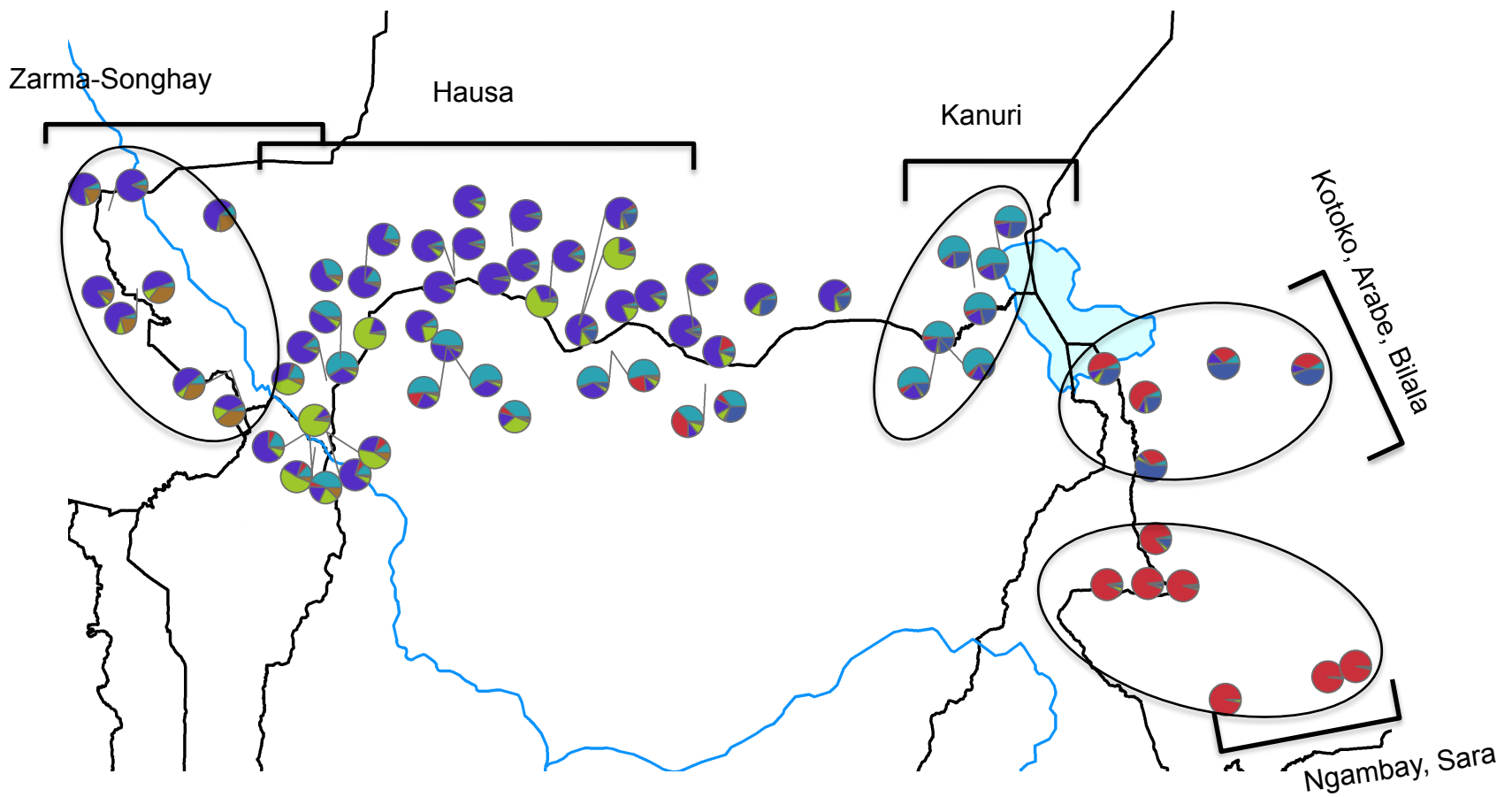
We did **not find** any **significant isolation by distance** whatever the geographical scale



Pearl millet genetic structure

K = 6; 69 populations, 17 SSR

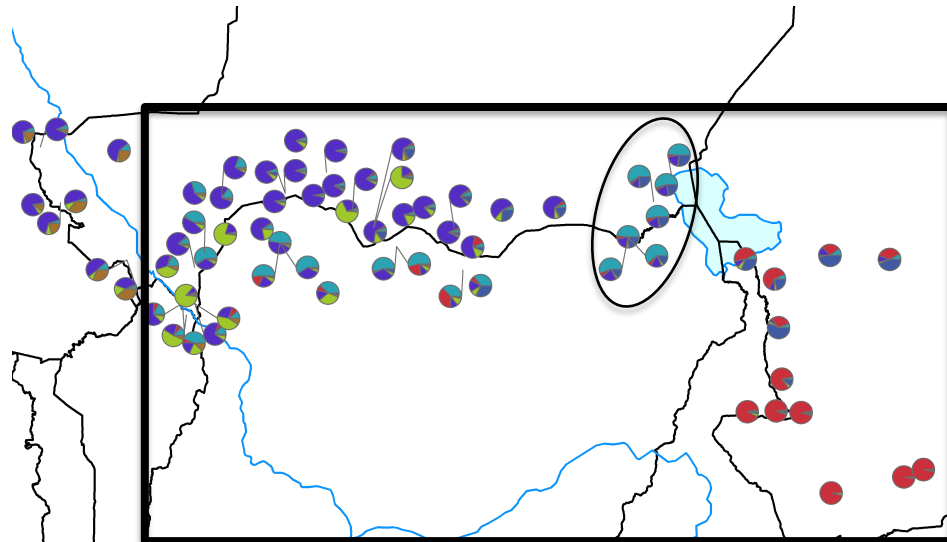
A low but **significant differentiation** among pearl millet grown by the **different ethnolinguistic groups**



Pearl millet diversity (SSR)

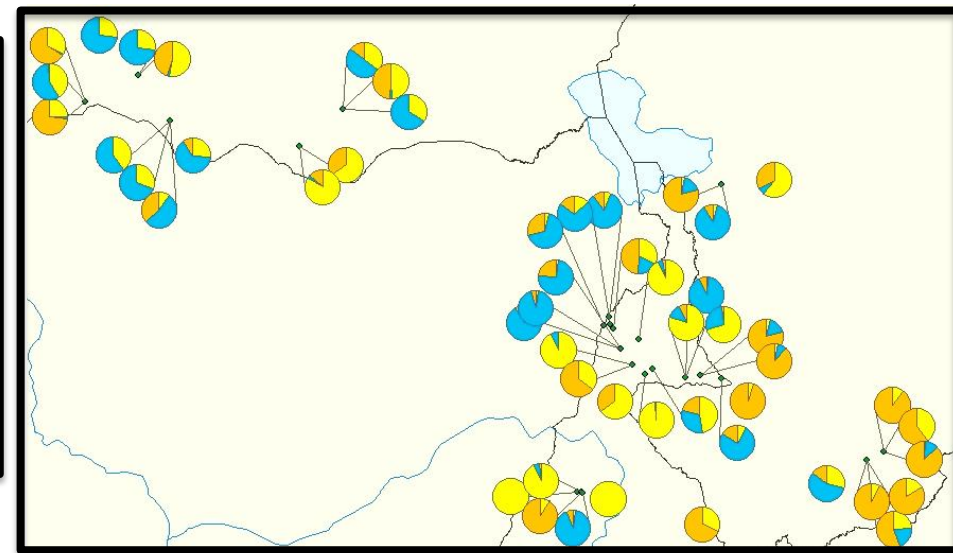
(highly outcrossing, socially important)

(Naino Jika A. et al. 2017)



Bambara groundnut diversity (AFLP) (highly selfing, less socially important)

(Luxereau et al. 2014)



Gene flow is much more limited in pearl millet compared to Bambara groundnut despite the very different mating systems.

- Unexpected **pattern** of **genetic diversity** in pearl millet
- It suggests the existence of **social barriers** to **seed flow** among **ethnolinguistic groups** in the lake basin, at least in the west side
- This interpretation is in agreement with farmer's fidelity for landraces inherited from their ancestors

thank you for your attention

Acknowledgment:

EVA, ESE

IDEEV

BASC

CORAF

INRAN

Faculty of agronomy: univ. Niamey

Collaborators:

UMR 1318- IJPB - INRA Versailles-AgroParis Tech: Martine GONNEAU, Gwendal CUEF Gilles CLEMENT, Loïc RAJOU, Gregory MOUILLE

UMR Génétique Quantitative et Evolution-Le Moulon: Michel ZYVY

UMR 247 EGCE: Stéphane DUPAS

UMR 7159 LOCEAN: Benjamin SULTAN

MNHN Anne Luxereau

EPGV (INRA, Evry)

Axe 3:

Modélisation de l'évolution de la diversité en
intégrant les variations
spatio-temporelles

Arnaud Becheler, Camille Coron, Stéphane Dupas

Comment les systèmes biologiques réagissent-ils aux variations spatio-temporelles de l'environnement ?

Différents contextes d'études :

- Invasions biologiques
- Ravageurs des cultures
- Espèces cultivées et changement climatique

Comment comprendre ces processus démographiques récents ?

Etudier la génétique pour mieux comprendre l'écologie :

L'écologie d'une espèce conditionne sa démographie, qui conditionne à son tour les processus génétiques sous-jacents, eux-même à l'origine des patrons génétiques que l'on observe sur le terrain.

Données
génétiques

Démographie

$N_{i,t}$

$\phi_{ij,t}$

Variables d'espace (i ou j) et du temps t :

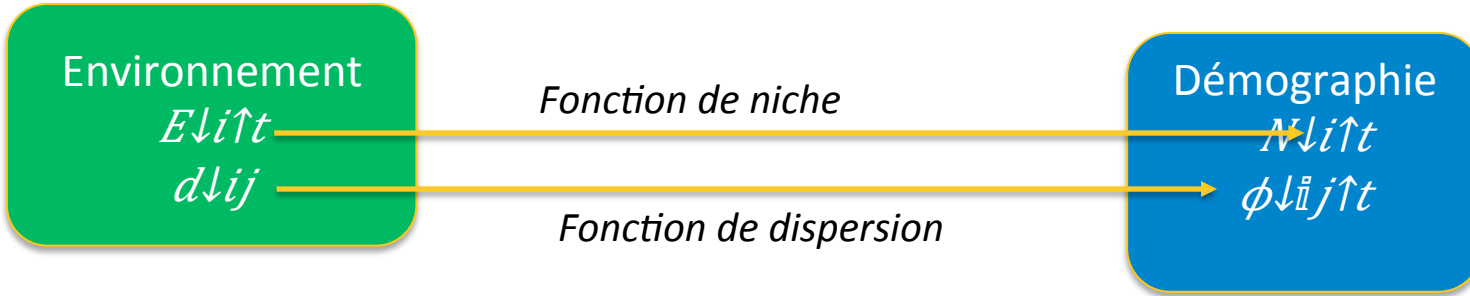
$N_{i,t}$: nombre d'individus

$\phi_{ij,t}$: flux d'individus

$E_{i,t}$: variables environnementales

d_{ij} : distance géographique

Données
génétiques



Variables d'espace (i ou j) et du temps t :

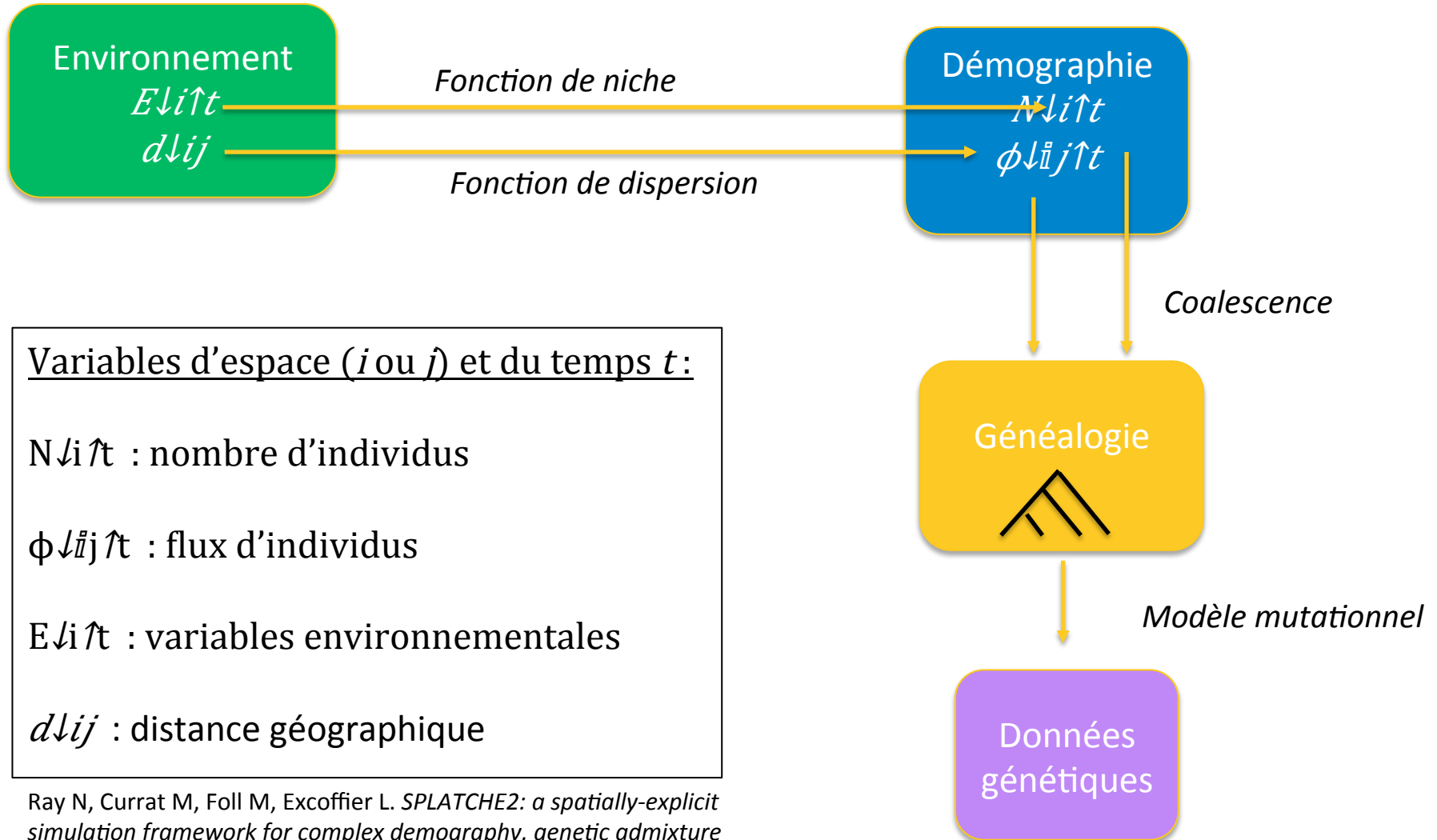
$N_{ij}(t)$: nombre d'individus

$\phi_{ij}(t)$: flux d'individus

$E_{ij}(t)$: variables environnementales

d_{ij} : distance géographique

Données
génétiqes



Variables d’espace (i ou j) et du temps t :

$N_{i,t}$: nombre d’individus

$\phi_{ij,t}$: flux d’individus

$E_{i,t}$: variables environnementales

d_{ij} : distance géographique

Ray N, Currat M, Foll M, Excoffier L. *SPLATCHE2: a spatially-explicit simulation framework for complex demography, genetic admixture and recombination.*

Calcul Bayésien Approché : intuition

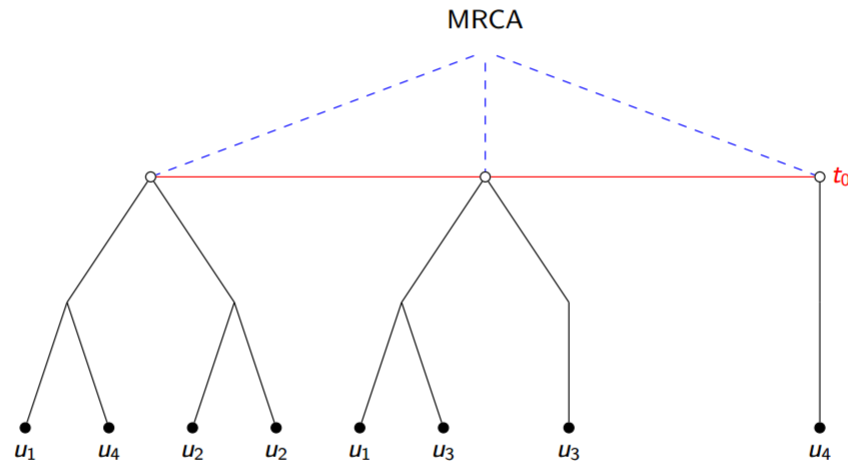
- Des millions de simulations sont faites sous des paramétrages différents
- La distance entre chaque simulation et l'observation est évaluée
- Si la distance est petite, la plausibilité du paramétrage est grande

Quelle distance utiliser ?

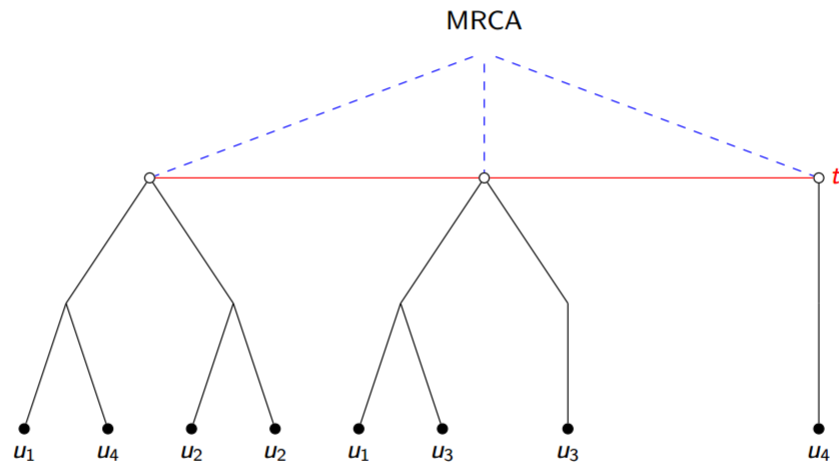
Les méthodes traditionnelles comparent les jeux de données génétiques simulé et observé sur la base de statistiques résumées.

Remonter à l'ancêtre commun des copies de gènes échantillonnées peut nous amener dans une fenêtre spatio-temporelle très éloignée.

On recentre donc l'analyse sur les premières générations du bas des branches du coalescent, en négligeant la mutation.

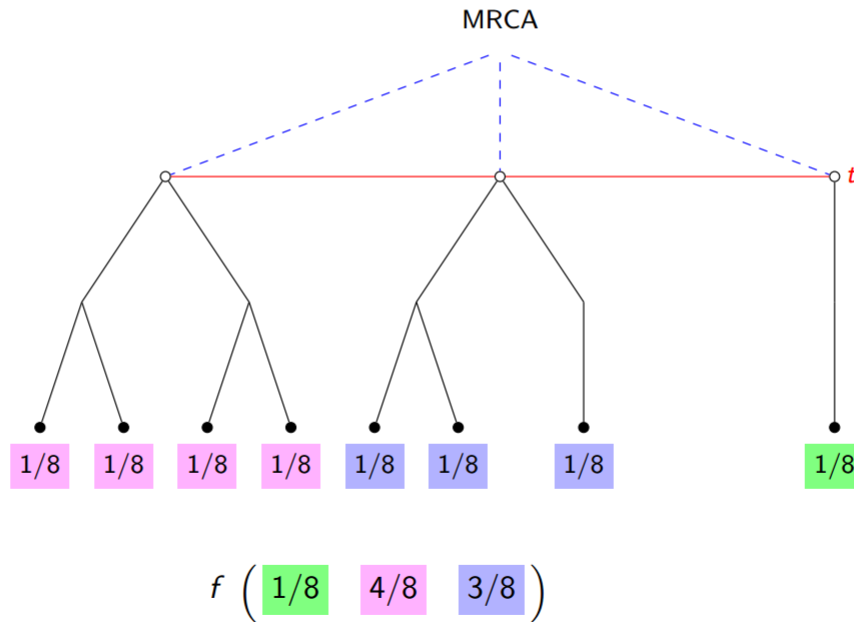


On est capable de construire une distance entre les généalogies incomplètes et les données génétiques observées, ce qui nous donne la plausibilité du paramétrage utilisé.



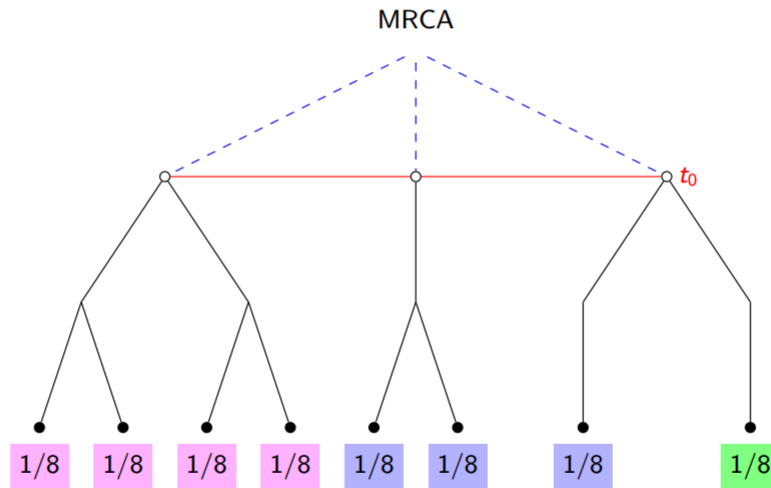
$$f \left(\frac{1}{8} \quad \frac{4}{8} \quad \frac{3}{8} \right)$$

On est capable de construire une distance entre les généalogies incomplètes et les données génétiques observées, ce qui nous donne la plausibilité du paramétrage utilisé.



Très bonne adéquation généalogies/génétique

On est capable de construire une distance entre les généalogies incomplètes et les données génétiques observées, ce qui nous donne la plausibilité des données observées.



$$f \left(\begin{matrix} 1/8 & 4/8 & 3/8 \end{matrix} \right)$$

Mauvaise adéquation généalogies/génétique (mutation improbable) :

On est capable de construire une distance entre les généalogies incomplètes et les données génétiques observées, ce qui nous donne la plausibilité des données observées.

Formalisation pour la résolution numérique du problème :

- Les généalogies sont transformées en une partition floue A
- Les données génétiques en partition floue B
- L'algorithme de Kuhn-Munkres permet d'affecter les couleurs de B aux généalogies de A en minimisant le coût total (distance de transfert floue, Campello et al. 2010)

Un besoin/problème simulateur avec des contraintes variées :

- Rapidité (calcul intensif)
- Modularité (comparaison de modèles arbitrairement complexes)
- Extensibilité (incrémentalité de la recherche)

Une solution informatique adaptée :

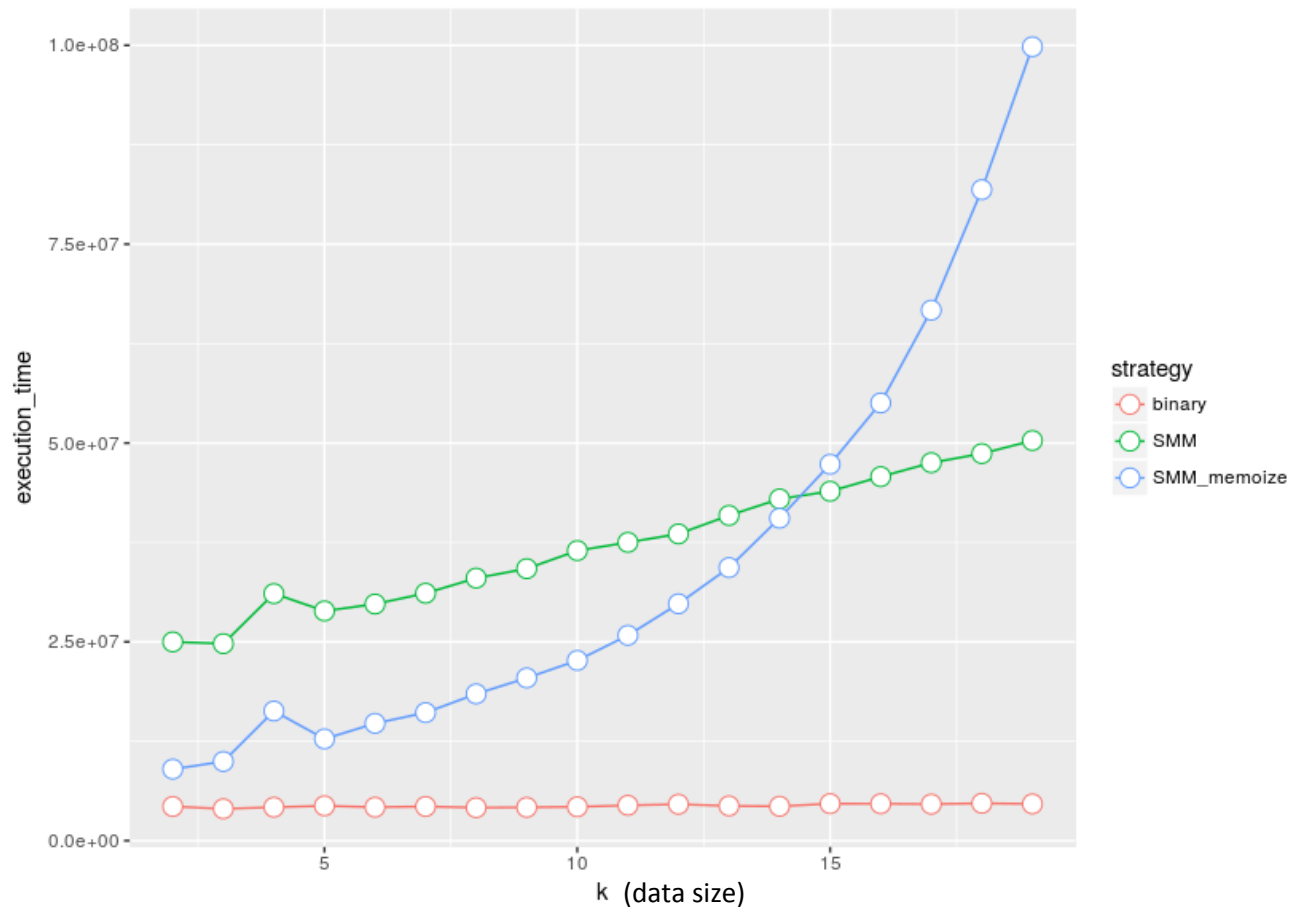
- Utilisation du langage C++ (rapide, puissant)
- Mise en application de méthodes de développement adaptées
- Paradigmes et styles de programmation favorisant l'optimisation
- Bibliothèque de fonctionnalités (outils résolvant les sous-problèmes)

Quetzal

*Coalescence
Template
Library*

Quelle stratégie de simulation pour la coalescence ?

Une seule ligne de code est suffisante pour tester une stratégie alternative.



Des innovations théoriques pour la compréhension des processus écologiques récents dans les agroécosystèmes :

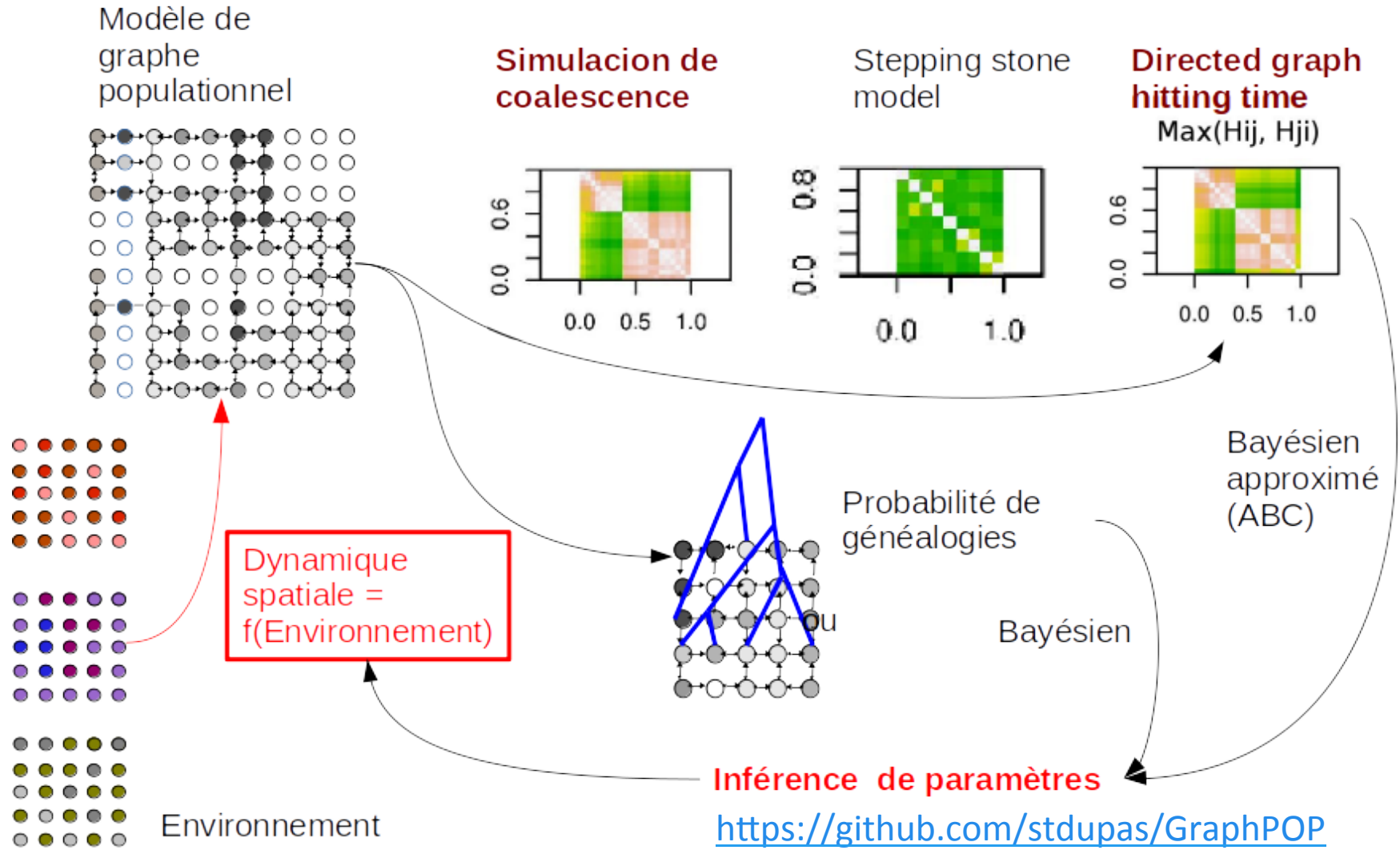
- Hétérogénéité environnementale prise en compte via des modèles plus intuitifs
- Coalescence incomplète pour informer seulement les processus récents

Des innovations techniques pour la communauté :

- QUETZAL : une bibliothèque C++ performante pour la coalescence
- En cours de finalisation, facilement extensible à d'autres contextes
- QUETZAL embarque une bibliothèque taillée « sur mesure » pour la manipulation optimisée de fonctions mathématiques (par Ambre Marques).

Merci de votre attention !

Différentiation génétique en milieu hétérogène



BIODIVERSITÉ DES PHYTOSYSTÈMES NATURELS ET CULTIVÉS ANDINS

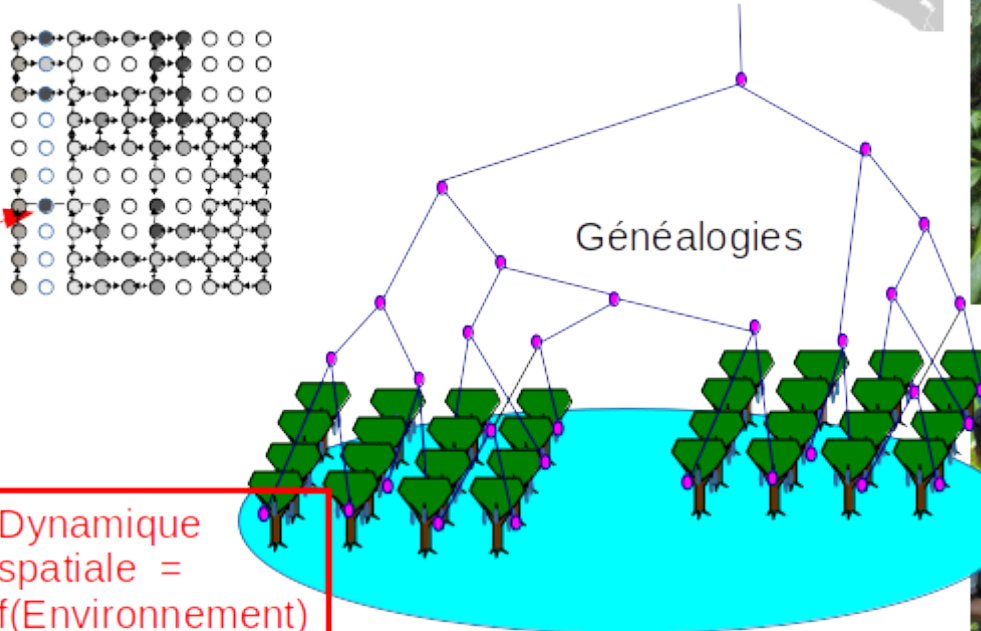
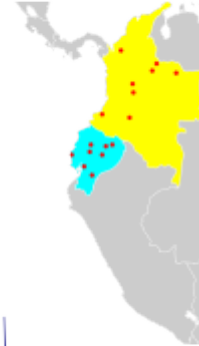
LMI BIO_INCA

Phytobiome / Andes

Démogénétique environnementale



Cacao



Dynamique
spatiale =
f(Environnement)

Qu'est-ce qui émerge du FP2?



Structuration d'une communauté

- Interactions : *FloSeq* -> [Maïs QGM C. Dillmann] – [insecte ravageur EGCE F. Marion-Pol et L. Kaiser-Arnaud]
- Transferts : I.E. Y. Nooroya: détection variants structuraux [Maïs QGM J. Joets, T Mary-Huard] -> [Champignon pathogène BIOGER]
- National : Colloque Empirisme & Théorie en Ecologie Evolution ->

GDR AIEM

Effets leviers

- *Floseq* -> *Itemaize* (BASC Phase 2): Modélisation intégrative et impact des changements globaux sur le cycle de vie du maïs et d'un insecte ravageurs (Phytobiome)
- *Daphné* -> *Paris-Match* (INRA): Utiliser les données siRNA pour étude spécialisation d'hôte

Génétique et au-delà

- Législatif : *Pomflux* prise en compte de l'information génétique pour la gestion des populations -> décret
- Aide à la décision : *CropMetaPop* -> Projet européen H2020: Modéliser l'évolution de la diversité cultivée dans des réseaux d'échanges de semence.
- Développement durable : Laboratoire Mixte International dans les andes (Bio_Inca IRD): Rassembler deux communautés (agrogénéticiens, écologistes) pour établir des scénarios sur la réponse de la biodiversité aux changements globaux dans les agrosystèmes andins. Solutions basées sur la nature & phytobiome.