

Prédiction génomique du potentiel adaptatif de populations dans un nouvel environnement : application aux espèces envahissantes



Louise Camus, Simon Boitard & Mathieu Gautier

CBGP, Montpellier

Journée Vectopole Sud, 18 septembre 2025, Montpellier

Plan

Adaptation locale et “genomic offset” (décalage génomique)

Application aux espèces envahissantes

Etude par simulations : le genomic offset peut-il nous informer sur le risque invasif ?

Etude empirique : que nous apprend le genomic offset sur les invasions passées et à venir de *D. sukuzii*?

Conclusions et perspectives

Plan

Adaptation locale et “genomic offset” (décalage génomique)

Application aux espèces envahissantes

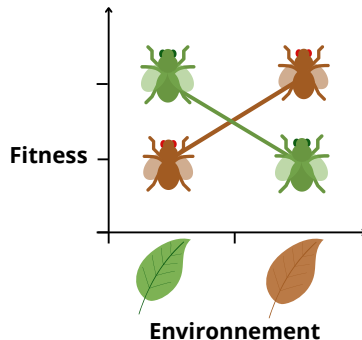
Etude par simulations : le genomic offset peut-il nous informer sur le risque invasif ?

Etude empirique : que nous apprend le genomic offset sur les invasions passées et à venir de *D. sukuzii*?

Conclusions et perspectives

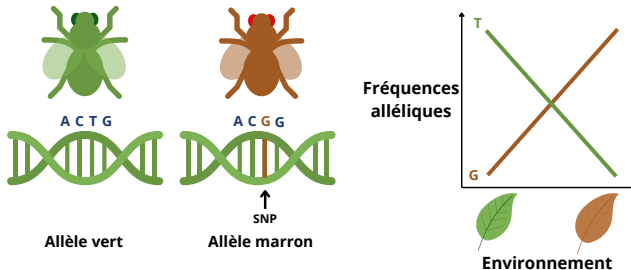
Adaptation locale

Les populations développent des caractères leur conférant une fitness moyenne plus élevée dans leur environnement local que les populations provenant d'autres environnements



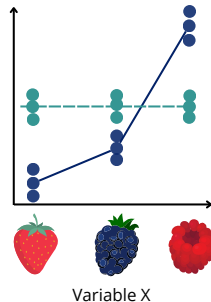
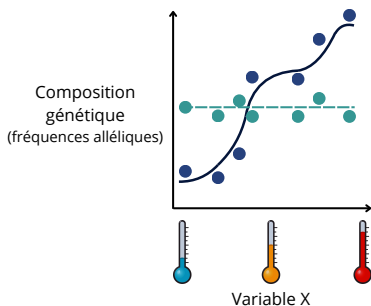
Adaptation locale

Provient (en partie) de la correspondance spatiale entre la variation génétique adaptative et la variation environnementale



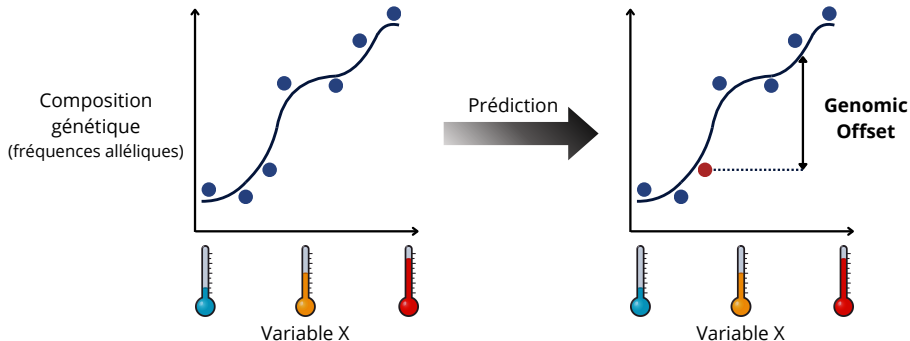
Détecter l'adaptation locale

GEA = Genome Environment Association



Grâce aux données génomiques haut-débit, identifier les marqueurs/variables environnementales ayant un rôle dans l'adaptation.

Le Genomic Offset (Fitzpatrick et Keller, 2015)

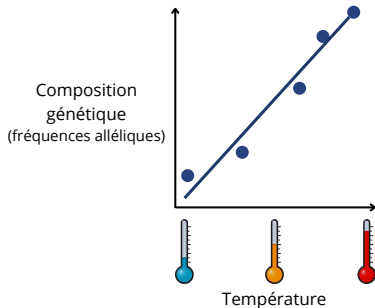


Genomic Offset (décalage génomique) = une mesure du risque de (mal)adaptation

- Temporel (conditions environnementales futures)
- Spatial (autres zones géographiques)

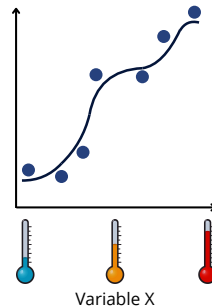
Plusieurs méthodes

Linéaire



GO Géométrique (*Gain et al., 2023*)
RDA (*Capblancq et al., 2021*)
RONA (*Reilstab et al., 2016*)

Non linéaire



Gradient Forest (*Fitzpatrick et Keller, 2015*)
GDM (*Fitzpatrick et Keller, 2015*)
SPAG (*Rochat et al., 2021*)

Cependant ...

Des hypothèses fortes

- Populations d'entraînement localement adaptées
- Adaptation *via* des variants pré-existants
- Relation génome ↔ environnement invariante dans le temps

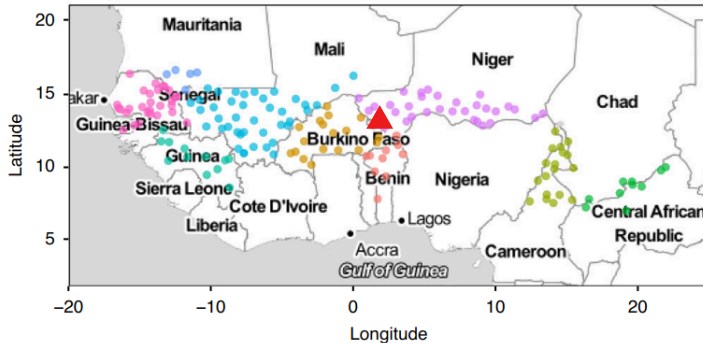
Des questions méthodologiques

- Les GEA capturent-elles bien la relation entre fréquences alléliques et environnement ?
- Impact de la méthode utilisée ? de la structure des populations ?

Le GO prédit-il le risque de (mal)adaptation ?

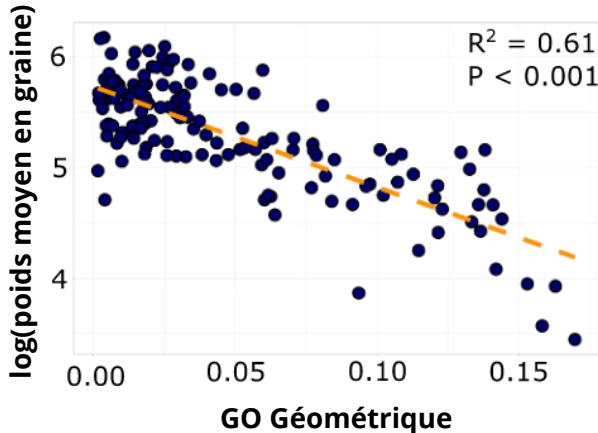
Lien entre GO et fitness

- Preuves théoriques & simulations (Laruson *et al.* 2021, Gain *et al.* 2023)
- Validations expérimentales : (Rhoné *et al.* 2020, Fitzpatrick *et al.* 2021)



Lien entre GO et fitness

- Preuves théoriques & simulations (Laruson *et al.* 2021, Gain *et al.* 2023)
- Validations expérimentales : (Rhoné *et al.* 2020, Fitzpatrick *et al.* 2021)



Plan

Adaptation locale et “genomic offset” (décalage génomique)

Application aux espèces envahissantes

Etude par simulations : le genomic offset peut-il nous informer sur le risque invasif ?

Etude empirique : que nous apprend le genomic offset sur les invasions passées et à venir de *D. sukuzii*?

Conclusions et perspectives

Contexte



Espèces envahissantes

- De plus en plus nombreuses récemment du fait de la mondialisation (Seebens 2021, Hulme 2021)
- Potentiellement nuisibles
- Exemple de changement environnemental rapide
 - Comment expliquer et prédire leur succès dans de “nouveaux” environnements ?

Le paradoxe de l'invasion

- Peu d'individus fondateurs, e.g. frelon asiatique (Arca et al., 2015)
- Diversité génétique réduite, consanguinité → potentiel adaptatif faible



- Adaptation à un environnement "inconnu" : pré-adaptation ?
→ **Genomic offset**

Plan

Adaptation locale et “genomic offset” (décalage génomique)

Application aux espèces envahissantes

Etude par simulations : le genomic offset peut-il nous informer sur le risque invasif ?

Etude empirique : que nous apprend le genomic offset sur les invasions passées et à venir de *D. sukuzii*?

Conclusions et perspectives

Processus d'invasion

Transport



Introduction

Processus d'invasion

Transport



Introduction



Etablissement

Survie et reproduction suffisantes pour établir une/des population(s)
stable(s) et autonome(s)

Processus d'invasion



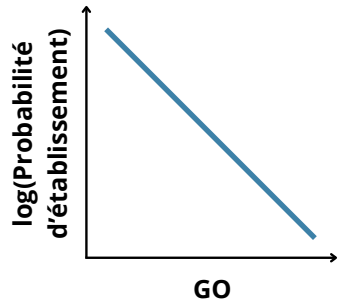
Espèce envahissante dont les individus se dispersent, survivent et se reproduisent sur de multiples sites

Processus d'invasion

Transport**Introduction****Etablissement****Invasion**

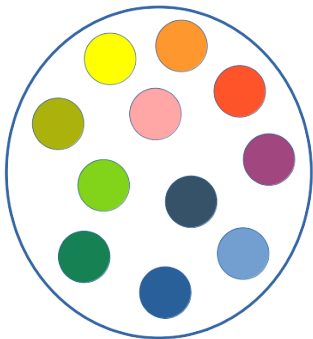
Dernière étape avant qu'une espèce soit qualifiée d'envahissante
Fitness suffisante pour maintenir une/des population(s) stable(s)

Hypothèse :

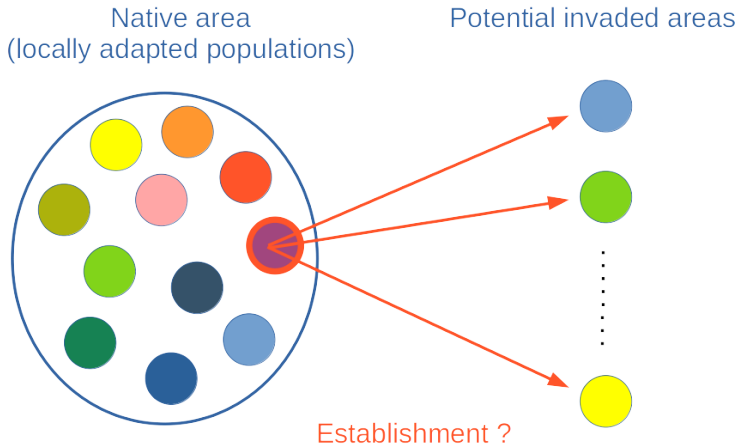


Principe des simulations

Native area
(locally adapted populations)



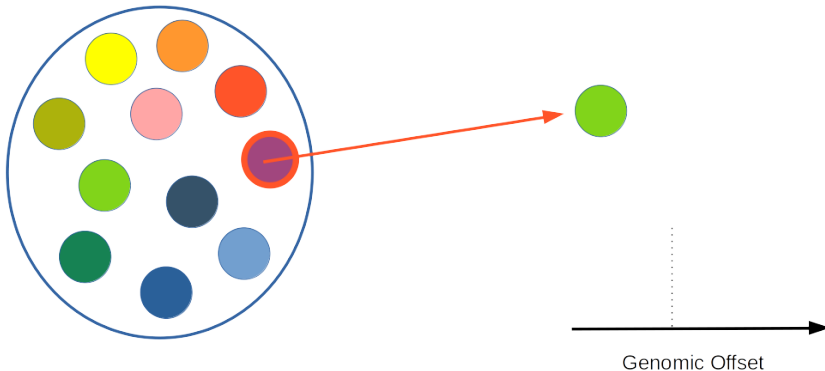
Principe des simulations



Principe des simulations

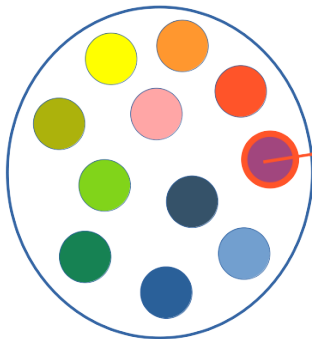
Native area
(locally adapted populations)

Potential invaded areas



Principe des simulations

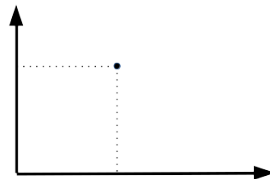
Native area
(locally adapted populations)



Potential invaded areas



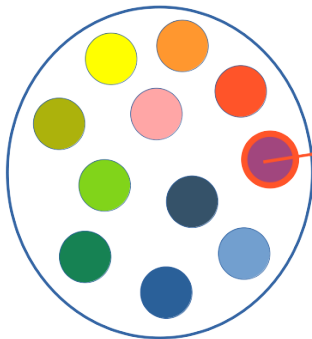
proportion of
successful
establishments
over 250 repetitions
where some
migrants are sent



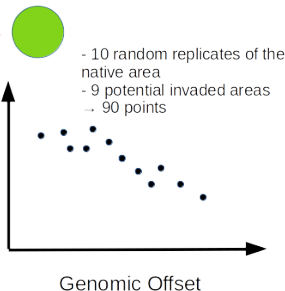
Genomic Offset

Principe des simulations

Native area
(locally adapted populations)



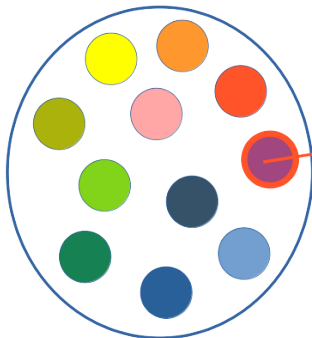
Potential invaded areas



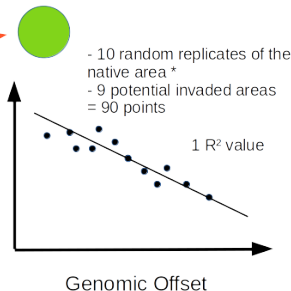
proportion of
successful
establishments
over 250 repetitions
where some
migrants are sent

Principe des simulations

Native area
(locally adapted populations)



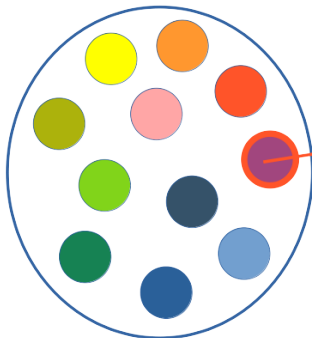
Potential invaded areas



proportion of
successful
establishments
over 250 repetitions
where some
migrants are sent

Principe des simulations

Native area
(locally adapted populations)

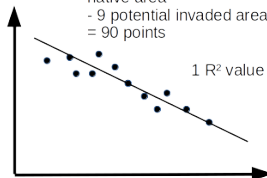


Potential invaded areas



- 10 random replicates of the native area *
- 9 potential invaded areas
- = 90 points

proportion of
successful
establishments
over 250 repetitions
where some
migrants are sent

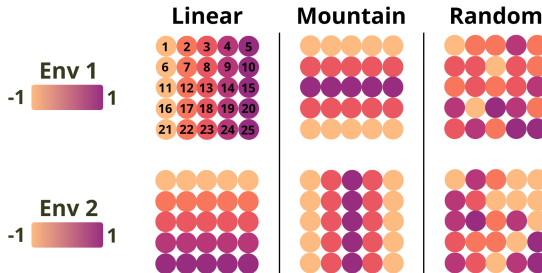


Slim v4

Genomic Offset

Influence de différents paramètres

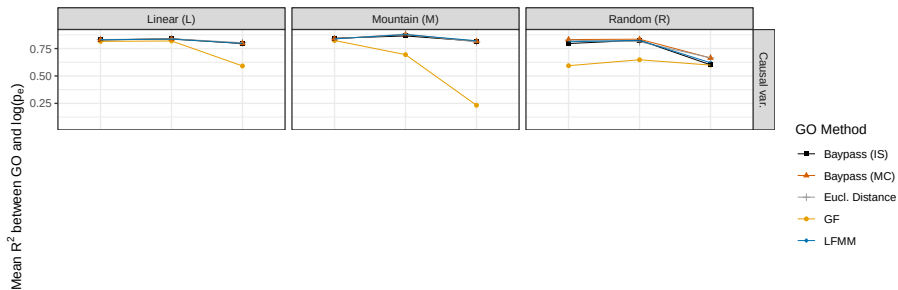
- **Evolutifs** : nombre d'individus introduits, structure génétique neutre, structure spatiale de l'environnement ...



- **Méthodologiques** : méthode de GEA / GO, sélection des SNPs, qualité des covariables ...

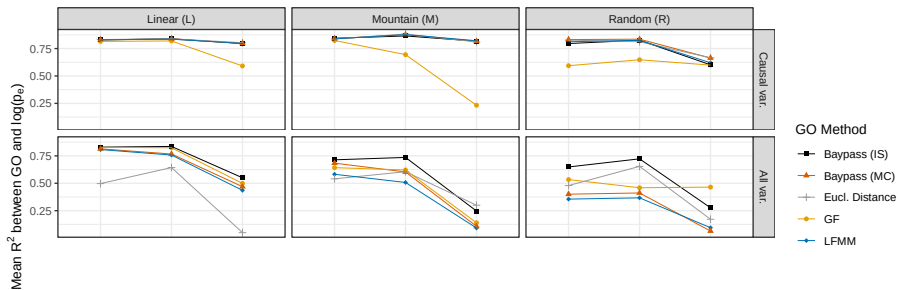
Cas idéal : variables causales (adaptatives) connues

10 individus envahissants



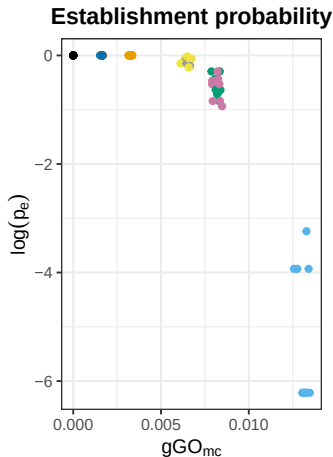
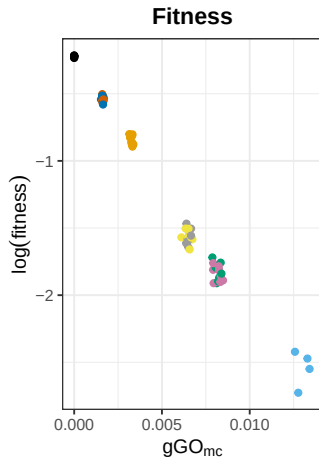
Cas plus réaliste : présence de variables confondantes

10 individus envahissants



Effet de la taille de propagule

100 individus envahissants → lien fort avec la fitness
Mais défi adaptatif "tamponné"



Invaded environment

- -1/-1
- -1/0
- -1/1
- 0/-1
- 0/0
- 0/1
- 1/-1
- 1/0
- 1/1

Plan

Adaptation locale et “genomic offset” (décalage génomique)

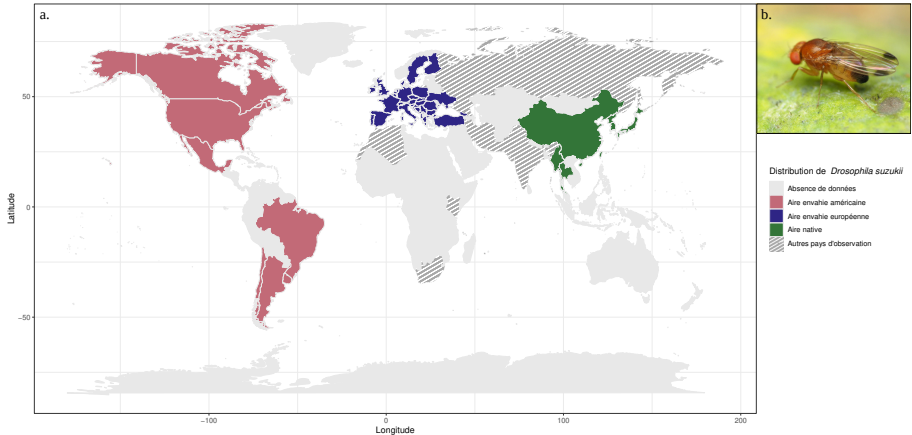
Application aux espèces envahissantes

Etude par simulations : le genomic offset peut-il nous informer sur le risque invasif ?

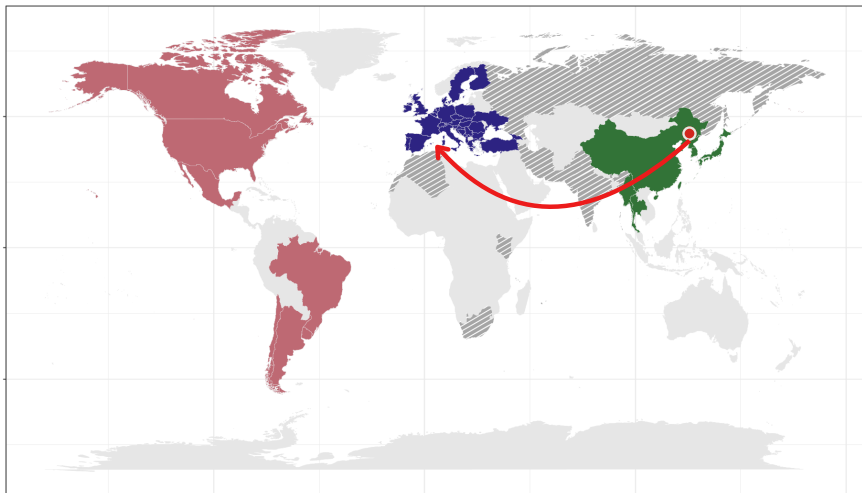
Etude empirique : que nous apprend le genomic offset sur les invasions passées et à venir de *D. sukuzii*?

Conclusions et perspectives

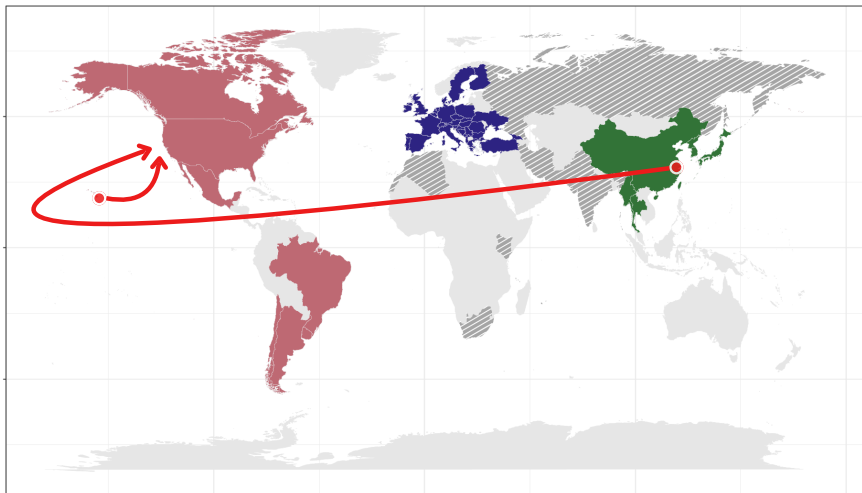
D. suzukii : une espèce envahissante



Deux invasions indépendantes (Adrion et al. 2014, Fraimout et al. 2017)



Deux invasions indépendantes (Adrion et al. 2014, Fraimout et al. 2017)



Un avageur des cultures fruitières



- Ovipositeur sclérifié : ponte dans fruits mûrs ou en train de mûrir
- Large gamme de plantes hôtes (≥ 120 espèces en Europe)

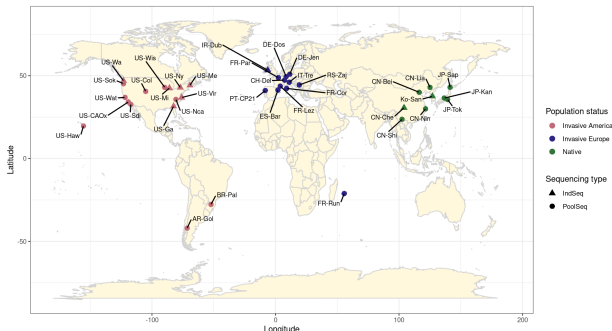
Objectifs

Exploiter les patrons de diversité génétique pour :

1. **Comprendre / Evaluer** les contraintes adaptatives rencontrées par *D. sukukii* lors de son invasion mondiale récente.
2. Détecter d'éventuels gènes ayant facilité cette invasion.
3. **Prédire** les aires géographiques présentant un fort risque d'invasion future.

Données génomiques

- 37 populations séquencées (notre étude + Olazcuaga et al. 2020, Feng et al. 2024, Sario et al. 2024, Lewald et al. 2021)
- 4 200 000 SNPs identifiés sur un nouvel assemblage (aire native).
- Extension de Baypass (Gautier 2015) intégrant GO et données hétérogènes.



Variables environnementales

- Température → 2 composantes principales
- Précipitations → 2 composantes principales
- Vent : 1 variable
- Humidité : 1 variable
- Utilisation des sols : 6 variables
- Surfaces cultivées (non spécifiques) : 2 variables

Comprendre les invasions passées

↪ Les aires envahies posaient-elles un défi adaptatif ?

Source environment

Frainout et al. (2017)

Liaoyuang, China



Invaded environments



Comprendre les invasions passées

↪ Les aires envahies posaient-elles un défi adaptatif ?

Source environments

Fraimout et al. (2017)

Ningbo, China



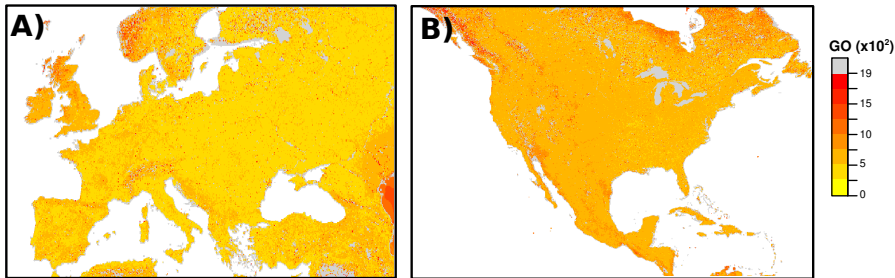
Hawaiï, USA



Invaded environments



Comprendre les invasions passées



→ Défi adaptatif globalement faible et homogène en Europe et Amérique du Nord

Prédire les invasions futures

→ Quelles régions encore non envahies sont le plus susceptibles de le devenir ?

Potential source environments

Little Rock, USA



Non-invaded environments

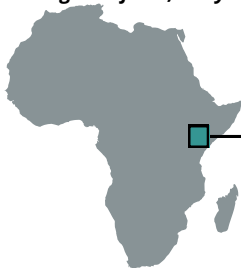


Prédire les invasions futures

→ Quelles régions encore non envahies sont le plus susceptibles de le devenir ?

Potential source environment

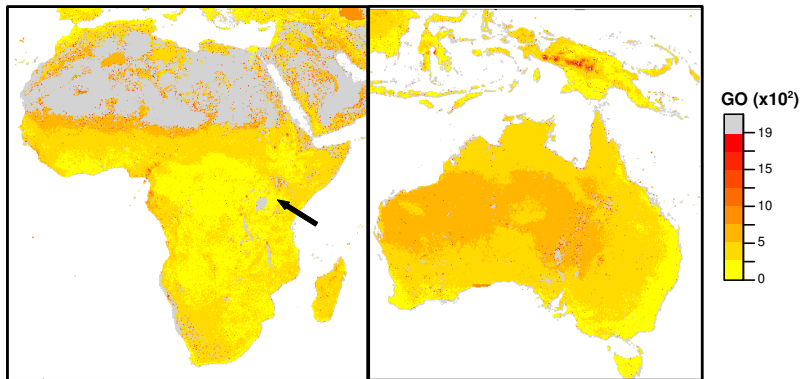
Longonot farm, Kenya



Non-invaded environments



Prédire les invasions futures



- Des zones présentant un risque de maladaptation faible
- Des valeurs cohérentes biologiquement

Outline

Adaptation locale et “genomic offset” (décalage génomique)

Application aux espèces envahissantes

Etude par simulations : le genomic offset peut-il nous informer sur le risque invasif ?

Etude empirique : que nous apprend le genomic offset sur les invasions passées et à venir de *D. sukuzii*?

Conclusions et perspectives

Le genomic offset

Un outil prometteur pour l'étude des invasions biologiques :

- Corrélé à la proba. d'établissement dans divers scenarios : structuration génétique neutre et de l'environnement, variables confondantes ...
- Utilisations variées et concluantes.

Le genomic offset

Un outil prometteur pour l'étude des invasions biologiques :

- Corrélé à la proba. d'établissement dans divers scenarios : structuration génétique neutre et de l'environnement, variables confondantes ...
- Utilisations variées et concluantes.

Des limitations identifiées

- Peu informatif si beaucoup d'individus envahissants.
- Risque **relatif** (entre régions), valeur absolue non interprétable.
- Invasion $\neq$ Etablissement : prise en compte du **risque d'introduction** ?

Le genomic offset

Un outil prometteur pour l'étude des invasions biologiques :

- Corrélé à la proba. d'établissement dans divers scenarios : structuration génétique neutre et de l'environnement, variables confondantes ...
- Utilisations variées et concluantes.

Des limitations identifiées

- Peu informatif si beaucoup d'individus envahissants.
- Risque **relatif** (entre régions), valeur absolue non interprétable.
- Invasion $\neq$ Etablissement : prise en compte du **risque d'introduction** ?

Perspectives

- Prise en compte de l'admixture ? de la consanguinité ?
- Méthodes alternatives exploitant l'apprentissage profond ?

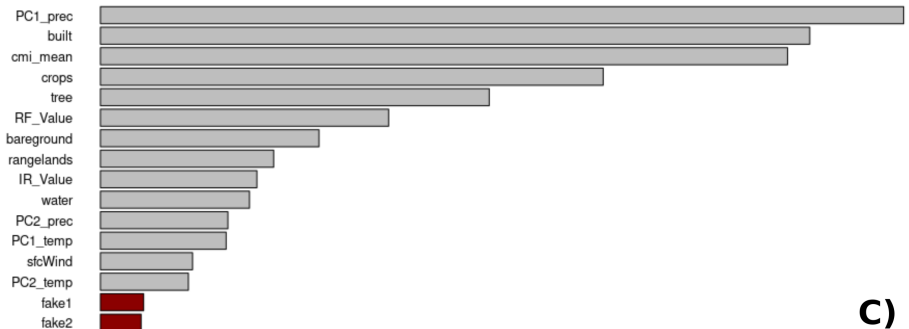
Acknowledgements

Merci de votre attention !

- Camus et al (2024), Evolutionary applications, 17(6), e13709.
- Camus et al (2025), BioRxiv



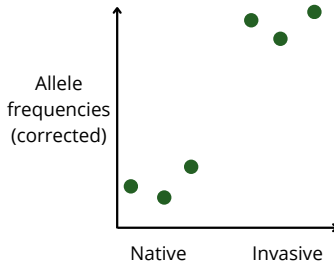
Variable importance



- All variables relevant to adaptation (i.e. higher importance than fake variables)
- Highest impact for precipitation and land use.

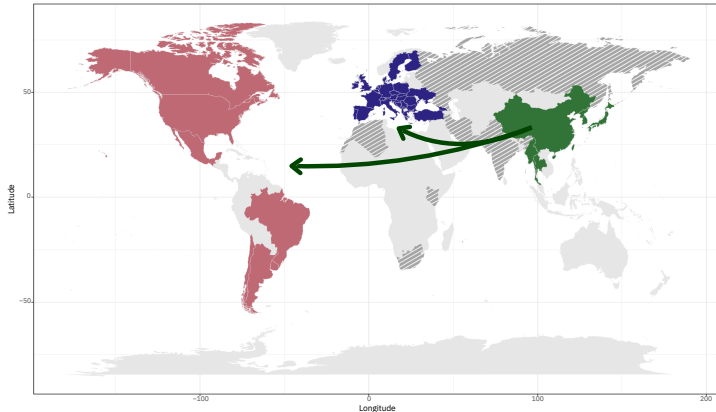
Genomic regions associated to invasive status ?

1. Candidate SNPs from Baypass C_2 index (Olazcuaga et al., 2020).

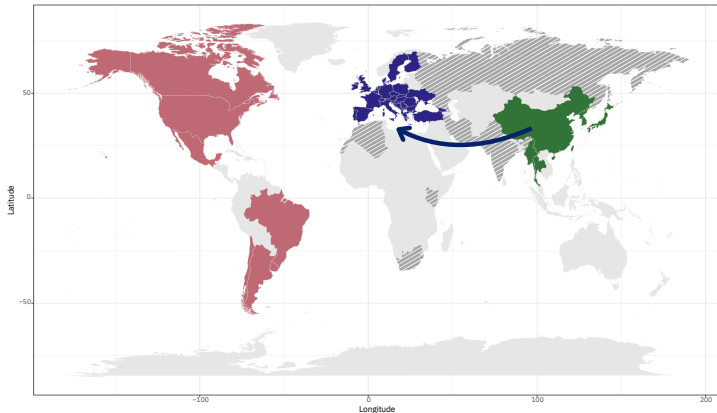


2. Candidate genomic regions (i.e. with an excess of candidate SNPs) from the $local-score$ approach (Fariello et al., 2017).
3. Genes in these regions (NCBI) and associated biological processes (orthologous genes in *Drosophila melanogaster*)

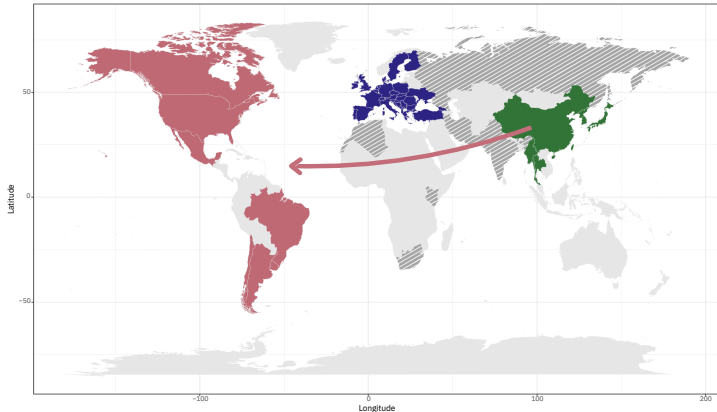
Genomic regions associated to invasive status ?



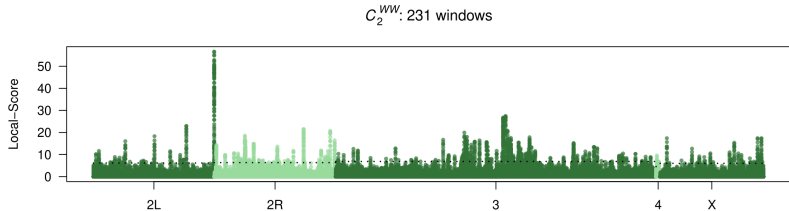
Genomic regions associated to invasive status ?



Genomic regions associated to invasive status ?



Genomic regions associated to invasive status



396 candidate genes (in 457 regions, all contrasts) related to e.g.

- **Stress resistance** : *CG30015* (heavy metals), *Olf413*, *Prosalpha2* (pesticides)
- **Locomotion / dispersion** : *CG34215*, *Oamb*
- **Chemosensation and feeding behavior** : *Cheb42c*, *Gr57a*