

## Session 40 : Invasions biologiques: au croisement de l'écologie et de l'évolution

### Retracer l'émergence mondiale du champignon phytopathogène *Mycosphaerella fijiensis* : routes d'invasion, perturbations démographiques et succès d'émergence

*Stéphanie Robert - Marie-Françoise Zapater - Catherine Abadie - Françoise Carreel - Jean Carlier - Virginie Ravigné*

Les maladies émergentes de plantes cultivées peuvent être caractérisées par l'expansion de l'aire de répartition d'un agent pathogène, et s'apparenter ainsi aux invasions biologiques. De façon comparable, les capacités d'adaptation et de colonisation des populations envahissantes sont potentiellement modelées par les événements historiques accompagnant leur dissémination, tels que des événements de fondation ou des introductions multiples. Pour comprendre leur succès d'invasion, la reconstruction des scénarios historiques de colonisation constitue alors une première étape clé, à laquelle peu d'études se sont attelées chez des champignons phytopathogènes. La maladie des raies noires du bananier est une pandémie récente causée par l'Ascomycète *Mycosphaerella fijiensis*. Originaire d'Asie du Sud Est, il s'est répandu sur les autres continents où il a généralement supplanté l'espèce apparentée *M. musicola*. Des études antérieures sur la structure des populations ont mis en évidence de fortes différenciations génétiques entre continents et entre pays, suggérant que des événements de fondation ont accompagné la dissémination mondiale de *M. fijiensis*. Afin de mieux appréhender les fondements de cette émergence, nous avons cherché à inférer plus précisément les routes d'invasion, l'importance relative des différents modes de dispersion impliqués (anthropique vs. naturelle) et les événements démographiques ayant affecté les populations envahissantes (goulots d'étranglement, expansions rapides, admixture...). Nous avons combiné différentes approches récentes de phylogéographie et génétique des populations, basées sur différents types de marqueurs neutres. Une analyse phylogénétique basée sur 8 séquences nucléaires a été réalisée sur un échantillon mondial d'une centaine d'individus de *M. fijiensis*. Cette étude souligne le rôle prépondérant des interventions humaines dans le déclenchement et la propagation mondiale des épidémies. Une vingtaine de populations issues des aires d'origine et d'introduction du pathogène ont d'autre part été génotypées avec 21 marqueurs microsatellites, afin de préciser la structuration géographique de la diversité génétique. Ces analyses complémentaires ont permis d'émettre des hypothèses sur l'histoire des populations de *M. fijiensis*, et de proposer différents scénarios d'introduction de ce parasite sur les continents Africain et Américain. Des méthodes récentes d'inférence bayésienne permettent ensuite d'intégrer les données historiques et génétiques, afin de tester plus précisément ces scénarios et d'inférer les paramètres temporels et démographiques associés. Enfin, des expérimentations impliquant des mesures de traits d'histoire de vie liés à l'agressivité sont poursuivies afin d'estimer l'impact de ces processus historiques de colonisation sur le potentiel évolutif des populations introduites, en relation avec leur succès d'émergence.

Contact : Stéphanie Robert - CIRAD Bios, UMR BGPI Campus International de Baillarguet - Montpellier - [stephanie.robert@cirad.fr](mailto:stephanie.robert@cirad.fr)