

Détection de locus adaptatifs et des facteurs environnementaux sélectifs par combinaison d'une approche spatiale et d'une approche de génomique des populations : application au grand charançon du pin

Laurence Després, Stéphane Joost, Pierre Taberlet

Laboratoire d'Ecologie Alpine, UMR 5553, Université J. Fourier, 38041 Grenoble Cedex 09

Résumé :

Détecter les locus adaptatifs permet de déterminer quelle proportion du génome est sélectionnée et quels gènes sont impliqués dans l'adaptation des organismes à leur environnement. Peu de méthodes existent actuellement pour détecter les locus sous sélection dans les populations naturelles d'organismes non-modèles. La principale méthode consiste à détecter les locus qui présentent des F_{st} particulièrement élevés entre populations, les 'outliers'. Cette méthode statistique implémentée pour les marqueurs dominants (AFLP) dans Dfdist (Beaumont 1996) est limitée par les hypothèses classiques de la génétique des populations (équilibre de Hardy-Weinberg, équilibre migration-dérive, taux de migration symétriques entre populations...) et par la nécessité de grouper les individus en populations de façon arbitraire ; de plus, la mise en évidence d' 'outliers' ne donne aucune indication sur les facteurs environnementaux à l'origine de leur comportement anormal.

Nous proposons une nouvelle méthode individu-centré de détection des locus sous sélection, qui utilise la localisation géographique (coordonnées GPS) des individus génotypés et les bases de données géoréférencées (SIG) afin de tester l'association entre plusieurs centaines de marqueurs moléculaires binaires (AFLP) et plusieurs dizaines de variables environnementales grâce à des régressions logistiques multiples. Appliquée au grand charançon du pin en Europe, cette méthode (SAM : Spatial Analysis Method) permet de retrouver les outliers trouvés par Dfdist, et de corrélérer chacun avec une variable environnementale. Cette nouvelle méthode offre donc l'avantage par rapport à la méthode standard de génomique des populations non seulement de détecter les locus adaptatifs, mais également de détecter les facteurs environnementaux impliqués dans la sélection, permettant de proposer des hypothèses sur la fonction des gènes impliqués dans l'adaptation des organismes à leur environnement.