

RÔLE DE L'ÉVOLUTION DANS LA PROLIFÉRATION DES ESPÈCES INTRODUITES ET LOCALES

par Arnaud **ESTOUP**¹ et Ruth Arabelle **HUFBAUER**²

Introduction

Le rôle facilitateur de l'évolution dans la prolifération des espèces introduites et locales, en particulier l'évolution rapide et adaptative pendant les invasions biologiques, est devenu un sujet de recherche majeur des 10-20 dernières années. Nous illustrerons ce type de recherches au travers de quelques concepts et exemples empiriques qui ont guidé nos propres recherches au cours des 10 dernières années. Nous nous intéresserons à trois questions principales : (i) Quelles preuves empiriques illustrent le rôle fondamental de l'évolution dans la prolifération des espèces? (ii) Quel est le rôle de l'Homme dans ces processus évolutifs ?, et (iii) Existe-t-il un paradoxe génétique chez les espèces envahissantes?

1/ L'évolution joue-t-elle un rôle dans la prolifération de certaines espèces ?

Il existe de nombreuses évidences empiriques que les espèces envahissantes sont capables de s'adapter à leur nouvel environnement. Cependant, une question encore peu résolue est de savoir si cette adaptation est directement à l'origine de la croissance démographique et l'expansion spatiale de ces espèces, ou si cette prolifération n'est qu'un sous-produit se manifestant qu'après une phase d'adaptation. Pour répondre à cette question, nous avons étudié un insecte coléoptère qui est une peste mondiale des produits stockés, *Tribolium castaneum*. Un dispositif en laboratoire nous a permis de suivre finement la croissance démographique et l'expansion spatiale de cette espèce modèle confrontée à un challenge adaptatif, en permettant ou pas la possibilité d'évolution (et donc d'adaptation) des populations à chaque génération. Nous avons pu ainsi démontrer que les populations pouvant évoluer montrent une croissance démographique plus forte et s'étendent spatialement plus rapidement que les populations ne pouvant pas évoluer. Les effets bénéfiques de l'évolution sont observés très rapidement, à savoir en quelques générations. Nous avons enfin observé une plus grande variation des dynamiques de prolifération lorsque les populations sont susceptibles d'évoluer. L'évolution semble donc jouer un rôle important et positif dans la prolifération des espèces tout en augmentant les incertitudes quant à la prédiction des dynamiques de prolifération.

2/ Rôle de l'Homme dans les processus évolutifs

Nos études expérimentales réalisées notamment chez la fourmi envahissante *Wasmannia auropunctata* ont fortement suggéré l'importance de processus éco-évolutifs ayant lieu au sein de l'aire native des espèces envahissantes et le rôle majeur de l'homme dans ces processus. Nos résultats ont ainsi mis en exergue l'importance des zones perturbées écologiquement par l'activité humaine situées à proximité géographique des zones d'habitats naturels dans (i) l'émergence de populations à fort potentiel envahissant car adaptées aux milieux anthropisés, et (ii) leur dispersion

¹ INRA, CBGP - Centre de Biologie et de Gestion des Populations -, Montpellier.

² Colorado State University - USA, actuellement en séjour sabbatique au CBGP.

accidentelle par l'homme dans des zones d'introduction plus lointaines également anthropisées. Ce type de scénario s'applique potentiellement à de nombreuses espèces envahissantes et est susceptible d'expliquer, au moins en partie, l'augmentation importante du nombre d'espèces envahissantes dans les 100 dernières années.

3/ Existe-t-il un paradoxe génétique chez les espèces envahissantes?

Nous avons récemment tenté de répondre à un dilemme classique dans le domaine de la biologie évolutive des espèces envahissantes, appelé le paradoxe génétique des invasions. Comment les populations envahissantes ayant subi un goulot d'étranglement, et qui ont généralement une faible diversité génétique et sont donc considérées comme ayant un faible potentiel d'évolution et / ou une faible capacité de reproduction, peuvent devenir envahissantes ? Nous montrons que, bien que la notion d'un paradoxe génétique de l'invasion soit intuitive et possible en théorie, ce paradoxe est dans une large mesure surfait. En effet, de nombreux envahisseurs sont caractérisés par une diversité génétique similaire voir supérieure aux populations natives, ou ne sont pas confrontés à des défis d'adaptation significatifs dans la zone envahie (cf. « pré-adaptation »). Certaines populations invasives semblent réunir toutes les conditions d'un paradoxe génétique, mais ce paradoxe s'avère faux parce que le proxy utilisé pour caractériser la variation génétique est inadéquat. Plus précisément, la perte de la diversité à un petit ensemble de marqueurs génétiques neutres ne reflète pas la baisse de variation génétique des caractères écologiques pertinents. La variation génétique à des locus neutres et à des traits écologiquement pertinents peut même s'avérer faible en raison d'une adaptation réussie aux nouvelles conditions environnementales. Dans certaines invasions, cependant, le paradoxe génétique semble authentique. Nous soutenons néanmoins que, dans ces cas, un large éventail de mécanismes évolutifs permet à la population invasive de surmonter les diverses conséquences néfastes d'une faible variation génétique et de l'adapter à son nouvel environnement. Nous illustrerons certains aspects de cette notion de paradoxe génétique au travers de l'étude d'une coccinelle envahissante *Harmonia axyridis*.

Conclusion

Il est maintenant largement accepté et démontré que l'évolution est un facteur clef de nombreuses invasions biologiques et rentre en jeu dans la prolifération des espèces introduites et locales. Les mécanismes évolutifs impliqués sont divers. Beaucoup reste à faire pour mieux comprendre ces mécanismes et les illustrer au travers de l'étude de cas concrets. Un front de science particulièrement novateur dans le domaine des invasions biologiques et des pullulations repose sur l'analyse des génomes d'échantillons populationnels (populations naturelles et populations de laboratoire) à l'aide de nouvelles technologies de séquençage en plein essor du type *New Generation Sequencing* (NGS), qui permettent de caractériser plus finement les processus évolutifs ayant cours dans les génomes des populations pullulantes, notamment ceux liés à la sélection naturelle.