



BILAN JEAI BRAS 2010 - 2012

Caractérisation, évolution et estimation des flux géniques entre biotypes sous-régionaux des bruches ravageurs de l'arachide (*Caryedon serratus* Ol.) et du niébé (*Callosobruchus maculatus* Fab.) et état de la résistance aux insecticides

Pays concerné(s) : Burkina Faso, Niger, Sénégal,
Togo

Pr Pape Mbacké SEMBENE
Département de Biologie Animale
Laboratoire Biopass UCAD-IRD-ISRA

Composition de la JEAI

(membres permanents)

Pays	Nom	Prénom	Etablissement	Département/ UFR/Labo	Discipline	Grade*	% de temps consacré au programme
Sénégal	SEMBENE	Mbacké	Université C. A. D. de Dakar	Biologie Animale/FST/ BioPASS	Génétique/ Entomologie	Pr	60%
Togo	KETOH	Koffivi Guillaume K.	Université de Lomé (Togo)	Unité de Recherche en Ecotoxicologie	Ecotoxicologie	MC	30%
Burkina Faso	SANON	Antoine	Université de Ouagadougou	Laboratoire d'Entomologie Fond. et appliquée	Entomologie	Pr	40%
Niger	DOUMMA	Ali	Université A. M. de Niamey	Biologie /Unité d'entomologie	Entomologie	MC	40%

Composition de la JEAI (membres non permanents)

Pays	Nom	Prénom	Type de diplôme*	Etablissement	Département/UFR/Labo	Discipline du doctorant
Sénégal	KEBE	Khadim	Doctorat	Cheikh Anta DIOP de Dakar	Biologie Animale/FST/BioPA SS	Phylogénie ; Phylogéographie
Sénégal	NDIAYE	Awa	Doctorat	Cheikh Anta DIOP de Dakar	Biologie Animale/FST/BioPA SS	Génétique des populations
Burkina Faso	SALIFOU	Zongo	Doctorat	Université de Ouagadougou	Laboratoire d'Entomologie Fondamentale et appliquée	Entomologie
Sénégal	TINE	Eugène Mbar	Master	Cheikh Anta DIOP de Dakar	Biologie Animale/FST/BioPA SS	Génétique des populations
Sénégal	CISSOKHO	<i>Khadidiatou</i>	Master	Cheikh Anta DIOP de Dakar	Biologie Animale/FST/BioPA SS	Génétique des populations
Sénégal	SOW	<i>Cheikhou</i>	Master	Cheikh Anta DIOP de Dakar	Biologie Animale/FST/BioPA SS	Génétique des populations
Sénégal	CISS	<i>Matar</i>	Master	Cheikh Anta DIOP de Dakar	Biologie Animale/FST/BioPA SS	Génétique des populations
Niger	MOUMOUNI	<i>Dan mairo Adamou</i>	Master	Université A.M. de Niamey	Biologie /Unité d'entomologie	Phytotecénie
Niger	SILIMANE	HASSANE	Master	Université A.M. de Niamey	Biologie /Unité d'entomologie	Phytotecénie
Togo	NYAMADOR		Post-doctorant	Université du Togo	Unité de Recherche en Ecotoxicologie	Ecotoxicologie
Togo	DJIFA		Master	Université du Togo	Unité de Recherche en Ecotoxicologie	Ecotoxicologie

Problématique

- ✓ La désorganisation des communautés biologiques pose plusieurs problèmes aux populations et peut fortement affecter la productivité et la rentabilité des agrosystèmes ainsi que la conservation des denrées stockées par l'apparition d'espèces ou de biotypes originaires d'autres régions ou zones agroécologiques.
- ✓ En Afrique et en Asie, la production de l'arachide et du niébé est assurée pour plus de 85% par de petites exploitations. Les ravageurs majeurs de ces légumineuses en conditions de stockage sont des Coléoptères Bruchidae, *Caryedon serratus* sur l'arachide et *Callosobruchus maculatus* sur le niébé, des insectes dont les larves peuvent causer jusqu'à 80% de pertes sur les récoltes stockées.
- ✓ Ces bruches étant polyvoltines, le stockage dans les greniers favorise des réinfestations successives tout au long de l'année.

Pour aider à la définition de stratégies de lutte contre ces ravageurs en identifiant clairement les populations susceptibles d'attaquer les stocks et en intégrant les tendances évolutives de ces espèces séminivores, une équipe composée de chercheurs appartenant à quatre pays de la sous-région ouest-africaine tente de cerner globalement cette problématique.

Objectifs

- i) Caractériser la structure des populations associées à l'arachide et au niébé, dans la sous région Ouest Africaine au moyen de divers marqueurs génétiques (séquences de gènes et données microsatellites);

- ii) Evaluer leur statut de résistance aux insecticides.

Activités

- ✓ Cartographie des paramètres bioécologiques de *Caryedon serratus* Olivier, *Callosobruchus maculatus* F et *Bruchidius atrolineatus* Pic
- ✓ Caractérisation des écotypes de *Caryedon serratus* et *Callosobruchus maculatus* et estimation des flux de gènes dans la sous-région ouest-africaine.
- ✓ Evaluation de la sensibilité des bruches aux insecticides utilisés dans la conservation des récoltes

Principaux résultats

Activité 1

Cartographie des paramètres bioécologiques de *Caryedon serratus* Olivier, *Callosobruchus maculatus* F. et *Bruchidius atrolineatus* Pic.

Pour chaque ravageur, une étude exhaustive de ses paramètres bio-écologiques, dans le pays où il cause le plus de dégâts est effectuée ; ces données servent de référence aux données issues de la comparaison des paramètres de développement des souches échantillonnées dans les différents pays prenant part à l'exécution de ce travail (Burkina Faso, Niger, Sénégal et Togo).

Principaux résultats

Activité 2

Caryedon serratus : identification génétique des haplotypes de la sous-région ouest-africaine

- On peut retenir qu'il existe une variabilité entre les populations de notre échantillon révélée par le polymorphisme nucléotidique, se traduisant par l'existence de plusieurs haplotypes circulant dans la sous-région ouest-africaine.
- Pour l'heure, on peut supposer qu'il existe un flux de gènes qui est maintenu entre les populations de *Caryedon serratus* au niveau de l'Afrique de l'Ouest.
- Le rôle majeur de la dispersion anthropique, par le commerce par exemple, est à signaler puisque une identité génétique est trouvée entre individus provenant de localités que la capacité de dispersion naturelle de la bruche ne permet pas de rallier même si cette capacité n'a été jamais évaluée.

A cette étape de l'étude, on ne peut certainement pas parler d'isolement allopatrique des populations de *C. serratus* infestant l'arachide dans la sous-région. L'absence d'isolement par la distance pourrait suggérer une structuration des populations par la nourriture larvaire déjà démontrée dans des travaux antérieurs (spécialisation écologique), entraînant l'existence d'écotypes.

Principaux résultats

Activité 2

Caryedon serratus : estimation des flux de gènes entre haplo ou écotypes de la sous-région ouest-africain

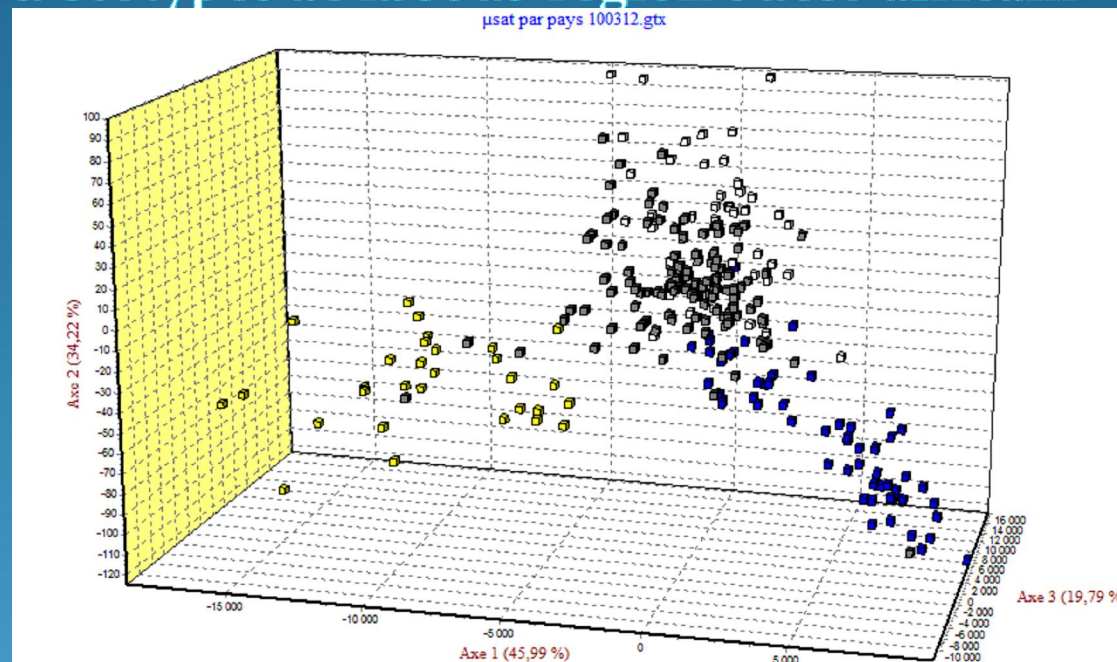


Figure 1 : AFC sur les populations ouest-africaine de *C. serratus*

Les échantillons du Sénégal, tous sites confondus, et du Mali, forment un groupe distinct et les individus des populations du Niger (en bleu) et Burkina (gris) sont clairement discriminées. Seule la population de Karang (jaune) est départie légèrement du groupe formé par les échantillons du Sénégal et de Mali (figure 1)

D'après les pourcentages d'inertie et la rupture de pente de la représentation graphique des valeurs propres les trois premiers axes donnent une représentation pertinente de l'analyse de ces populations.

Nous avons regroupé les échantillons en fonction du pays d'origine, l'AFC réalisé avec ce nouveau jeu de données montre la même tendance, la séparation des populations du Burkina Ouaga et du Niger devient plus nette, et le groupe formé des populations du Mali et du Sénégal demeure inchangé.

Principaux résultats

Activité 2

Caryedon serratus : estimation des flux de gènes entre haplo ou écotypes de la sous-région ouest-africaine

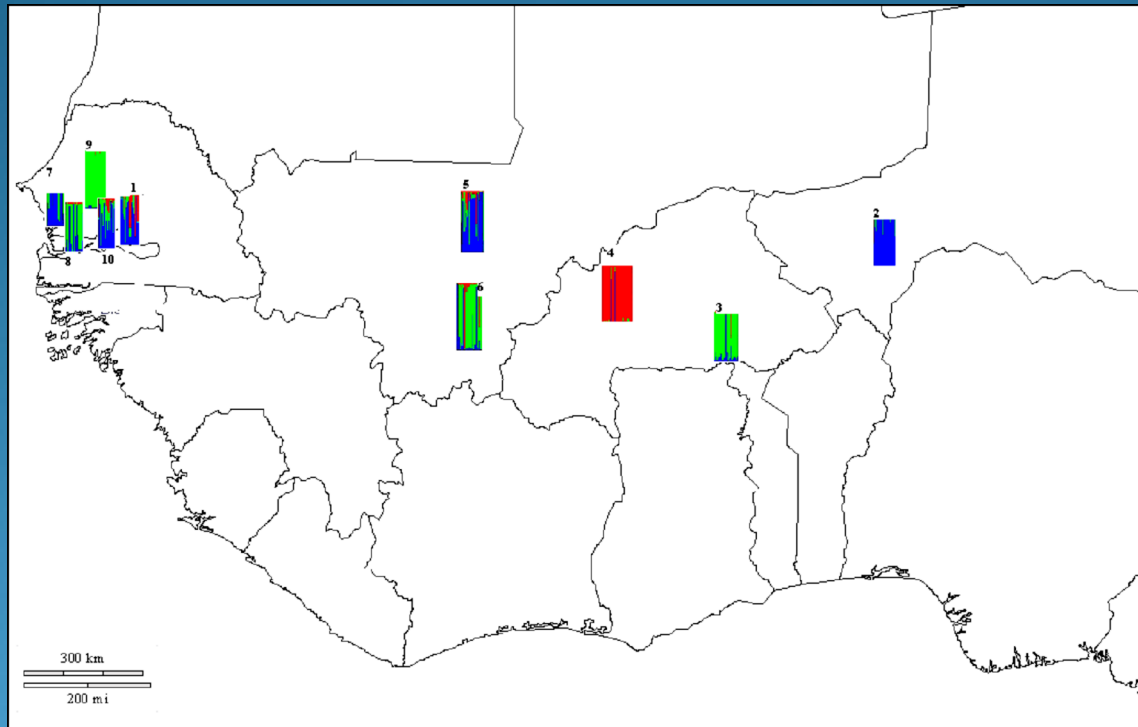


Figure 2 : répartition des groupes génétiques

La valeur de F_{st} calculée sur l'ensemble des populations est de 0.1311 (F_{st} significativement différents de zéro $P < 0.05$) ce qui indique que les populations échantillonnées sont globalement du point de vue génétique, différenciées. La structuration génétique des populations de *C. serratus* en Afrique de l'ouest, inférée par le logiciel STRUCTURE, pour $K=3$ groupe est représenté dans la figure (2). Chaque couleur correspond à un groupe génétique. Ces résultats sont en cours de publication

Principaux résultats

Activité 2

Callosobruchus maculatus : identification génétique des haplotypes de la sous-région ouest-africaine

Les paramètres de la diversité génétique des gènes 28S et Cyt.B pour les populations de *Callosobruchus maculatus* sont résumés dans les tableaux qui suivent.

	28S	CytB
Taille des échantillons	102	98
Longueur des séquences	521	456
Nombre de sites variables	5 (0.96%)	46 (10.10%)
Nombre de sites informatifs en parcimonie	3 (60%)	30 (65.22%)
Taux de Trs/Trv (R)	16.542	16.886
Diversité haplotypique (Dh)	0.33 +/- 0.059	0.97+/-0.007
Diversité nucléotidique ()	0.0006+/- 0.0001	0.0121+/-0.0006
Nombre d'alleles/haplotypes	9	44

Principaux résultats

Activité 2

Callosobruchus maculatus : identification génétique des haplotypes de la sous-région ouest-africaine

Diversité génétique en fonction des localités

Pays	Localité	28S				CytB			
		Taille échantillon	Nombre d'allèles	Diversité haplotypique (+/- SD)	Diversité nucléotidique (+/- SD)	Taille échantillon	Nombre d'haplotypes	Diversité haplotypique (+/- SD)	Diversité nucléotidique (+/- SD)
Burkina Faso	Tenkodogo	9	3	0.42 +/- 0.191	0.0020 +/- 0.0020	5	5	1.00 +/- 0.126	0.0136 +/- 0.0091
Mali	Bougoudéré	10	1	0.00 +/- 0.000	0.0000 +/- 0.0000	10	8	0.96 +/- 0.059	0.0124 +/- 0.0073
	Sikasso	10	4	0.53 +/- 0.180	0.0041 +/- 0.0030	10	4	0.78 +/- 0.091	0.0086 +/- 0.0053
Niger	Niamey	4	2	0.20 +/- 0.154	0.0004 +/- 0.0010	10	7	0.93 +/- 0.062	0.0087 +/- 0.0054
Senegal	Coki	9	2	0.22 +/- 0.166	0.0004 +/- 0.0010	5	6	0.89 +/- 0.075	0.0108 +/- 0.0065
	Fouta	8	2	0.25 +/- 0.180	0.0005 +/- 0.0011	5	4	0.90 +/- 0.161	0.0150 +/- 0.0100
	Kébémér	9	2	0.22 +/- 0.166	0.0004 +/- 0.0010	10	3	0.64 +/- 0.101	0.0065 +/- 0.0042
	Tambacounda	9	2	0.00 +/- 0.000	0.0000 +/- 0.0000	10	1	0.00 +/- 0.000	0.0000 +/- 0.0000
Togo	Adidogome	4	2	0.50 +/- 0.265	0.0010 +/- 0.0012	4	2	0.50 +/- 0.265	0.0077 +/- 0.0060
	Assigame	5	2	0.60 +/- 0.175	0.0012 +/- 0.0013	5	4	0.90 +/- 0.161	0.0057 +/- 0.0043
	Dapaong	5	2	0.50 +/- 0.265	0.0011 +/- 0.0012	5	4	0.90 +/- 0.161	0.0105 +/- 0.0072
	Gbinga	5	2	0.60 +/- 0.175	0.0012 +/- 0.0013	4	3	0.90 +/- 0.161	0.0180 +/- 0.0118
	Mango	5	2	0.40 +/- 0.237	0.0010 +/- 0.0010	5	3	0.80 +/- 0.164	0.0087 +/- 0.0061
	Tsévié	10	1	0.60 +/- 0.175	0.0012 +/- 0.0013	10	4	0.83 +/- 0.222	0.0102 +/- 0.0075

Principaux résultats

Activité 2

Callosobruchus maculatus : identification génétique des haplotypes de la sous-région ouest-africaine

Structure génétique des populations

- ✓ Les résultats de l'AMOVA pour les deux gènes montrent que plus de 73% de la variation génétique observée est expliquée par la variation au sein des populations.
- ✓ En se basant sur les résultats obtenus avec le test de Mantel, nous ne pouvons pas rejeter l'hypothèse nulle de l'absence de corrélation entre la distance géographique et la distance génétique dans nos données ($r = 0.129$, $P = 0.52$ for 28S; $r = 0.135$, $P = 0.17$ for CytB).

Ainsi, nous ne pouvons pas conclure de l'existence d'une isolation par distance dans les populations ouest africaines de *C. maculatus*.

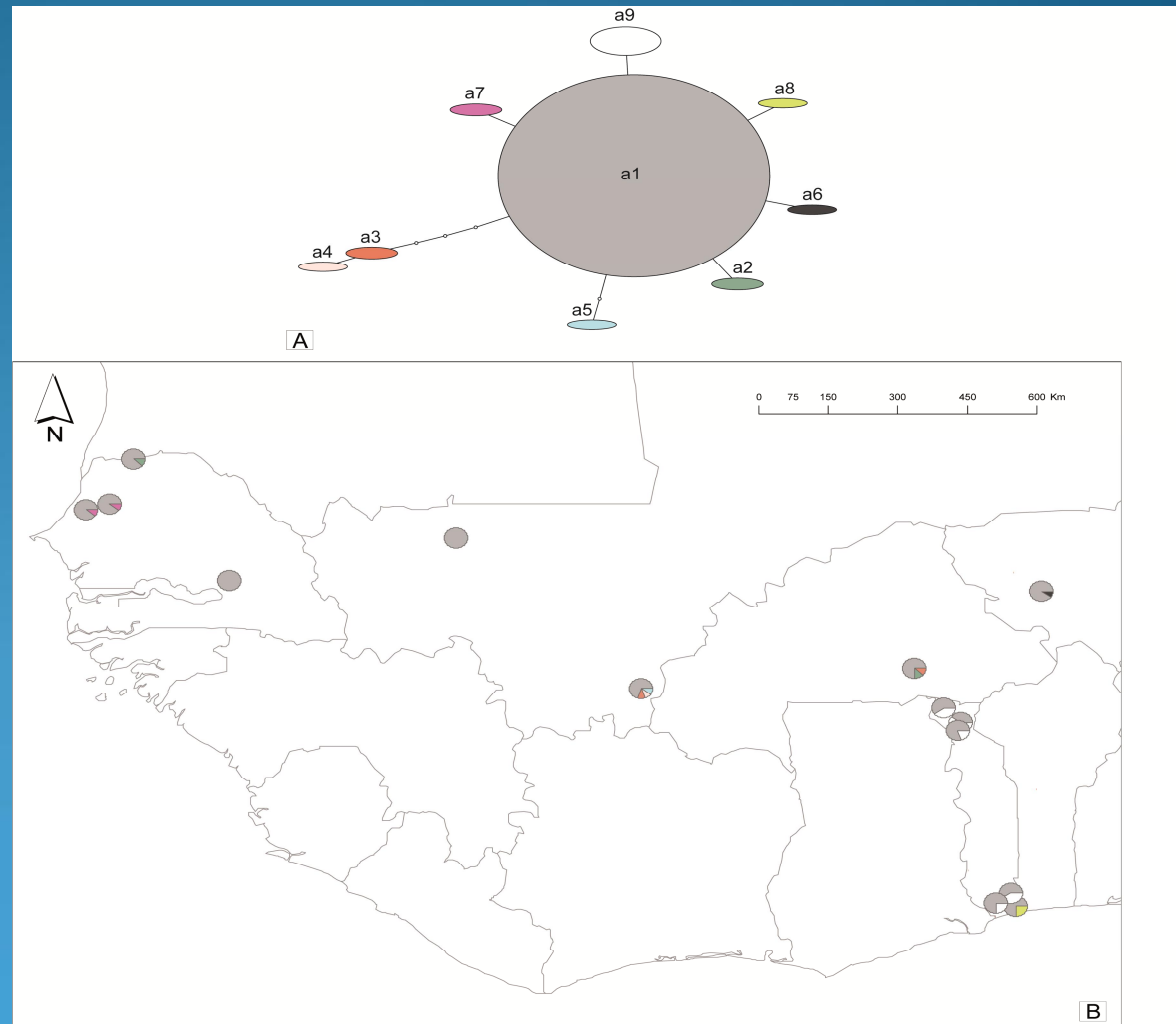
Principaux résultats

Activité 2

Callosobruchus maculatus : identification génétique des haplotypes de la sous-région ouest-africaine

Analyses phylogénétiques

Le réseau d'allèle obtenu avec le 28S est caractérisé par une forme d'étoile avec tous les allèles dérivant d'un allèle de base unique (a1). Cet allèle représente 81.4 % de nos données et est réparti dans toutes les localités échantillonnées.



Principaux résultats

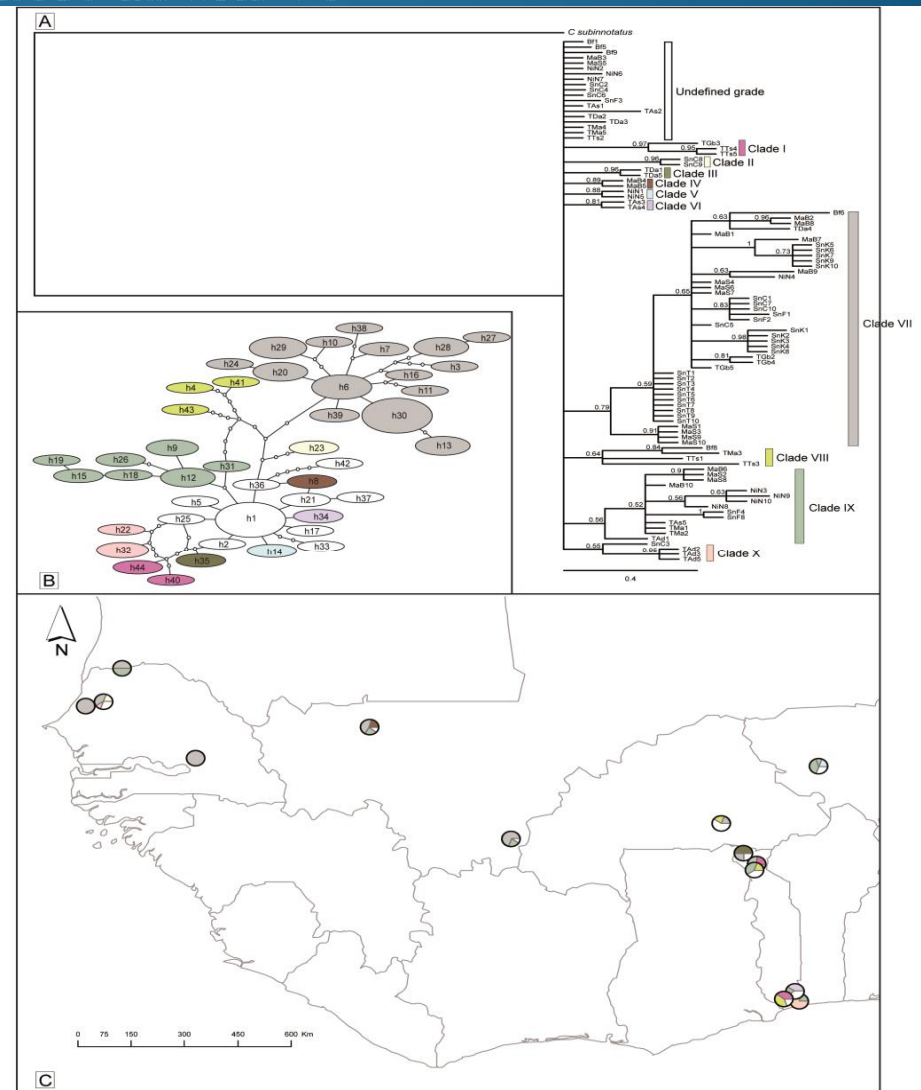
Activité 2

Callosobruchus maculatus : identification génétique des haplotypes de la sous-région ouest-africaine

Analyses phylogénétiques (Suite)

L'arbre phylogénétique obtenu par l'inférence bayésienne a été polytomique à la base, cependant différents clades qui sont bien supportés ont été identifiés (branches supportées par des valeurs de probabilité de postérieure supérieures à 0.50).

Dans le réseau, les haplotypes les plus fréquents sont h₁ et h₃₀ comprenant chacun 10 individus. L'haplotype h₁ est distribué dans tous les pays, alors h₃₀ est présent seulement dans la partie orientale du Sénégal.

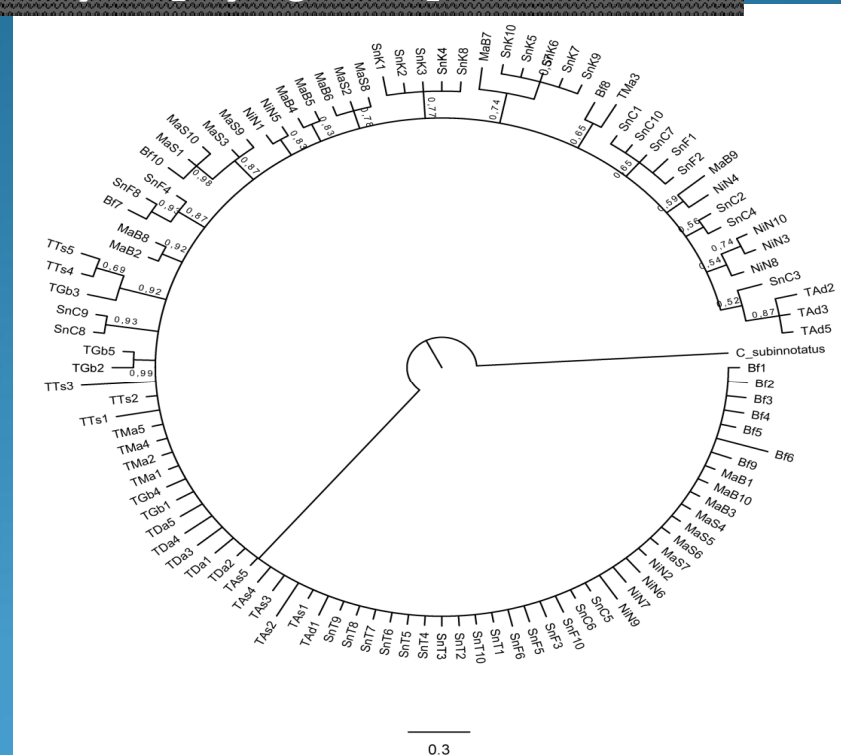


Principaux résultats

Activité 2

Callosobruchus maculatus : identification génétique des haplotypes de la sous-région ouest-africaine

Analyses phylogénétiques (Suite)



Arbre phylogénétique obtenu par l'inférence bayésienne sur les deux gènes combinés : l'arbre phylogénétique inféré par la méthode bayésienne pour le 28S de même que celui obtenu avec les deux gènes combinés ne sont pas résolus (forme d'un peigne)

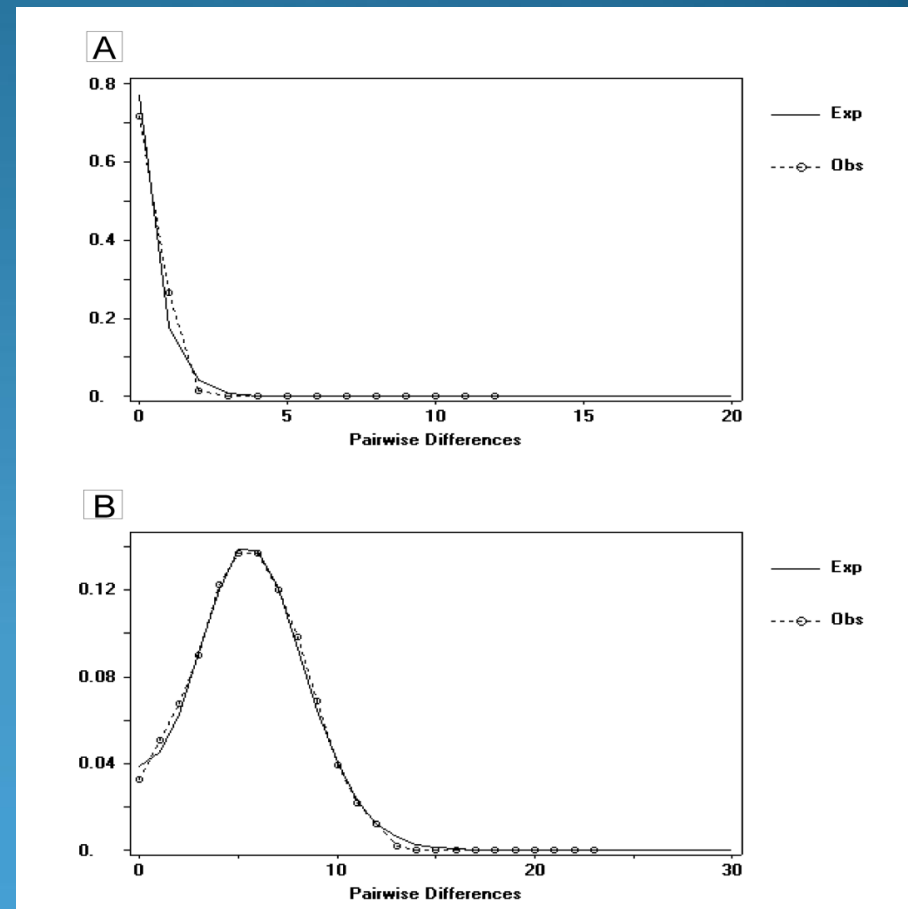
Principaux résultats

Activité 2

Callosobruchus maculatus : identification génétique des haplotypes de la sous-région ouest-africaine

Expansion démographique (Suite)

La disparité de distribution (mismatch distribution) des paires de base pour les spécimens ouest africains de *C. maculatus* montrant les fréquences attendues et observées (trait plein et pointillé respectivement) des différences par paire entre les échantillons. A : 28S. B : CytB. **Expansion démographique** : Les tests statistiques de neutralité ont été négatifs pour les deux gènes. Pour le 28S, l'indice D de Tajima de même que l'indice F_s de Fu ont été significativement négatives (Tajima's $D = -1.4645$, $P = 0.005$; Fu's $F_s = -4.4142$, $P = 0.0026$). Pour le CytB, seul le F_s de Fu a été significativement négatif (Fu's $F_s = -29.92$, $P < 0.001$), alors que le D de Tajima est négative mais marginalement significative (Tajima's $D = -1.2571$, $P = 0.083$). Ces résultats rejettent l'hypothèse nulle d'une taille constante de la population et suggère une expansion démographique rapide. Cette tendance a été confirmée par les analyses de la disparité de distribution (mismatch distribution) (Figure II-4) qui n'ont montré aucun écart significatif de l'hypothèse nulle d'expansion de la population dans les deux gènes (28S $PSSD = 0.55$ et CytB $PSSD = 0.99$), et l'indice d'irrégularité (rg) confirme la distribution unimodale caractéristique d'une expansion démographique (28S $P.rg = 0.56$ et CytB $P.rg = 0.97$).

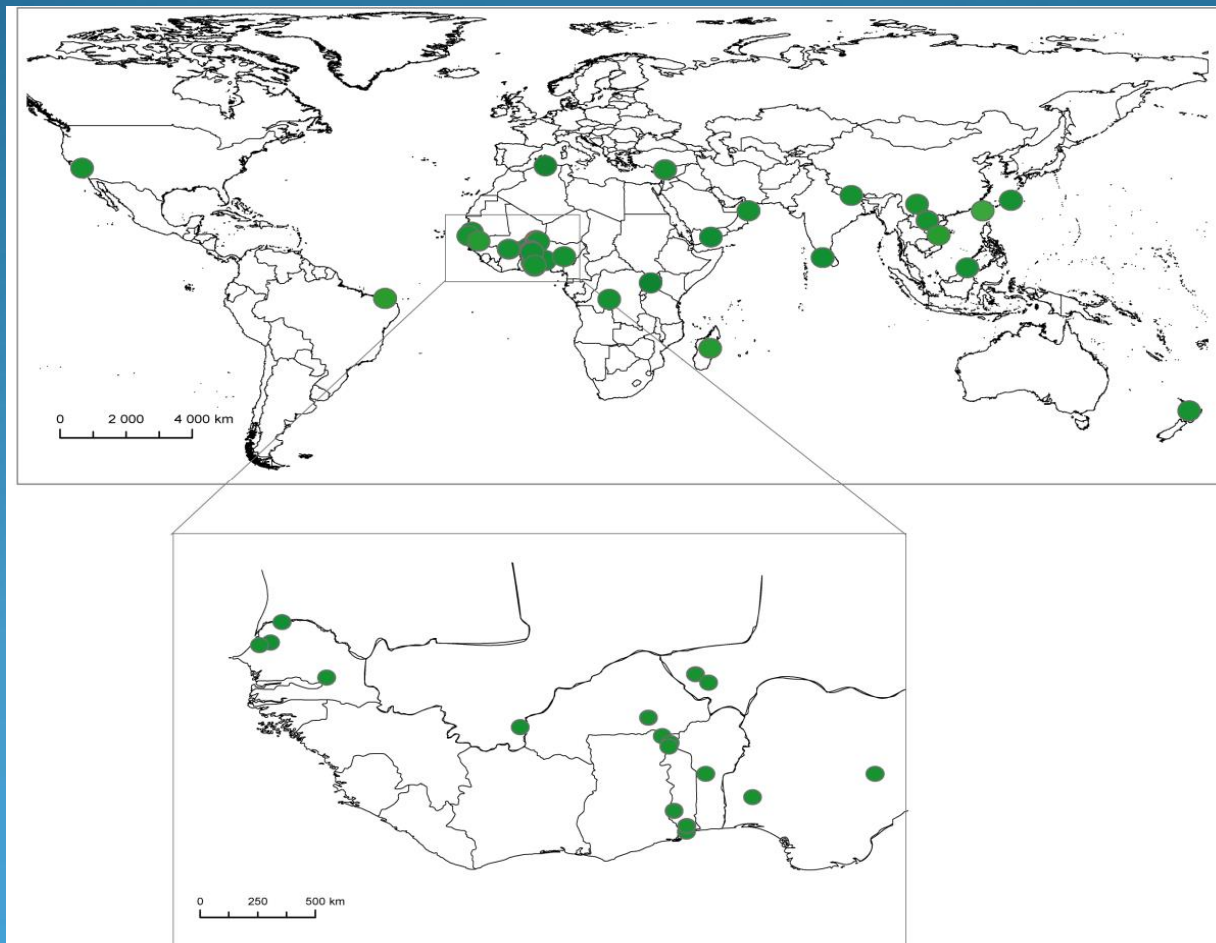


Principaux résultats

Activité 2

Callosobruchus maculatus : identification génétique des haplotypes de la sous-région ouest-africaine

Phylogénie mondiale



Principaux résultats

Activité 2

Callosobruchus maculatus : identification génétique des haplotypes de la sous-région ouest-africaine

Variation des séquences d'ADN et structure génétique des populations

Groupes	ADN mitochondriaux (CytB/COI/COII)				AND nucléaire (ITS1)			
	N	H	h		N	H	h	
Total	102	64	0.98+/-0.006	0.0100+/-0.0003	102	28	0.90+/-0.016	0.0005+/-0.0001
Afrique	58	38	0.97+/-0.009	0.0102+/-0.0004	59	16	0.86+/-0.025	0.0010+/-0.0001
Amerique	13	5	0.81+/-0.066	0.0050+/-0.0007	12	9	0.94+/-0.058	0.0004+/-0.0002
Asie+Océanie	31	22	0.96+/-0.020	0.0101+/-0.0006	31	12	0.89+/-0.033	0.0006+/-0.0003

- ✓ Soixante-quatre haplotypes et 27 allèles sont présents dans les gènes mitochondriaux et nucléaire respectivement.
- ✓ Les diversités haplotypiques et nucléotidiques ont été respectivement, 0.98 et 0.010 pour les gènes mitochondriaux, alors que elles étaient de 0.89 et 0.00047, respectivement, pour le gène nucléaire

Principaux résultats

Activité 2

Callosobruchus maculatus : identification génétique des haplotypes de la sous-région ouest-africaine

Variation des séquences d'ADN et structure génétique des populations

	Source de variation	df	Variance (%)	Indices de fixation	P-value
mtDNA	Entre groupes (continents)	2	12.7	Fct = 0.13	0.004
	Entre populations à l'intérieur des groupes	22	48.68	Fst = 0.61	< 0.0001
	A l'intérieur des populations	77	38.62	Fsc = 0.56	< 0.0001
ITS ₁	Entre groupes (continents)	2	-2.87	Fct = - 0.03	0.61
	Entre populations à l'intérieur des groupes	22	49.03	Fst = 0.46	< 0.0001
	A l'intérieur des populations	77	53.83	Fsc = 0.48	< 0.0001

✓ Les AMOVAs montrent que 12.70% de la variation génétique observée chez les régions mitochondriales est significativement expliquée par la variation entre les groupes (continents), tandis que cette dernière n'a pas tenu compte des explications de la variation dans l'ensemble des données nucléaires.

✓ Chez les gènes mitochondriaux et nucléaires, 48.68% et 49.03%, respectivement, de la variation génétique sont significativement expliquées par la variation entre les populations, alors 38.62% et 53.83% de la variation ont été significativement expliquées par la variation à l'intérieur des populations respectivement pour les gènes mitochondriaux et nucléaires

- **Analyses phylogénétiques :** La « Chaîne de Markov Monte Carlo » (MCMC) a été utilisée pour inférer les relations phylogénétiques entre les spécimens de *C. maculatus* dans le programme BEAST v.1.6.2 (Drummond & Rambaut, 2007). Les analyses ont été effectuées séparément sur mt_matrice et sur l'ITS₁. Pour le jeu de données mitochondriales, les données ont été partitionnées par locus et un modèle d'évolution moléculaire distinct a été appliqué à chaque partition. Le meilleur modèle d'ajustement a été identifié pour chaque partition mitochondrial et pour l'ITS₁ en utilisant le Critère d'Information d'Akaike mis en œuvre dans le programme MrModeltest2 v.2.3 (Nylander, 2004). Le modèle GTR a été sélectionné pour l'ITS₁ et le COII et le modèle HKY pour le COI et le CytB. Toutes les quatre régions ont été sujettes à une distribution gamma, avec des sites invariables excepté le CytB. Les taux de substitution ont été différents pour chaque partition en se basant sur Borer *et al.* (2010) et Pons *et al.* (2010) ; un modèle d'horloge relaxe non corrélé en supposant une distribution log-normale des taux a été utilisé (Drummond *et al.*, 2006) et un arbre ultramétrique a été inféré en appliquant un « Yule prior » sur les taux de branchement. Six analyses indépendantes des chaînes MCMC ont été exécutées pour 100.000.000 de génération et les arbres ont été échantillonnés toutes les 1000 générations. Après vérification de la convergence des chaînes sous le programme Tracer version 1.3 (Rambaut & Drummond, 2007), les premiers 10% des arbres de chaque cycle ont été rejetés afin de construire un maximum d'arbres crédibles en utilisant le programme TreeAnnotator v1.4.5 (Drummond & Rambaut, 2007).
- Nous avons construit des réseaux statistiques parcimonieux à la fois pour la « mt_matrice » et l'ITS₁ dans l'ensemble des jeux de données en utilisant le programme TCS v.1.21 (Clement *et al.* 2000). La probabilité de parcimonie a été fixée à 95%, indiquant que seuls les haplotypes avec moins de 5% des sites différant selon les critères de parcimonie seraient connectés.

- **Analyses biogéographique** : puisque la phylogénie de l'ITS1 n'était pas informative (voir ci-dessous), les analyses biogéographiques ont été réalisées uniquement sur l'ensemble des données mitochondriales. L'arbre ultramétrique généré sous BEAST (voir section analyse phylogéographique) a été utilisé. Pour l'inférence biogéographique, nous avons utilisé le modèle Dispersion-Extinction-Cladogenèse (DEC) implémenté dans le programme LAGRANGE v.2.0.1 (Ree & Smith, 2008), avec toutes les aires connectées par une probabilité de dispersion égale à 1. Le modèle DEC est gouverné par un Q matrice des taux de transition instantanés, dont ses paramètres sont la dispersion et l'extinction locale décrivant le taux de changement géographique de l'ancêtre au descendant par une expansion d'aire ou une contraction d'aire, respectivement (Ree & Smith, 2008). Le modèle DEC suppose qu'un seul événement, une simple dispersion ou extinction locale peut se produire en un instant du temps (Ree & Sanmartín, 2009). Par conséquent, toute transition qui implique plus d'un événement reçoit un taux de 0 dans la matrice Buerki *et al.* (2011). Nous avons utilisé la méthode de vraisemblance pour tester le modèle nul et les scénarios biogéographiques en se basant sur l'hypothèse de la dispersion ou des voies de migration entre l'Afrique, l'Amérique et l'Asie+Océanie. En suivant les recommandations faites par Buerki *et al.* (2011), les aires ont été définies en se basant sur les critères géologiques. Trois aires ont été définies en fonction des continents : 1) Africa; 2) America and 3) Asia+Oceania

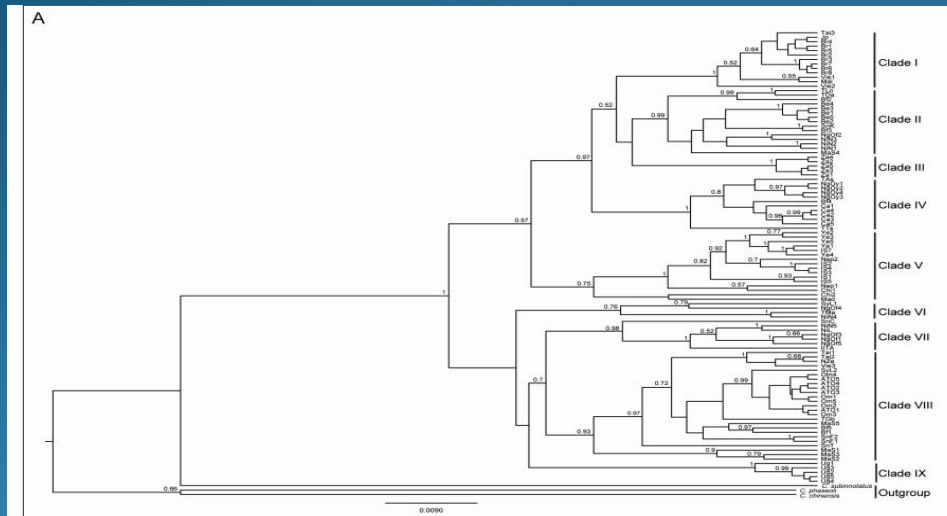
- **Histoire démographique :** comme les taux de substitution ne sont pas disponibles pour la région ITS1, l'histoire démographique mondiale de *C. maculatus* a été étudiée en utilisant les données mitochondriales sur trois ensemble de données différentes : i) échantillons provenant de toutes les régions (jeu de données complet), ii) tous les échantillons de l'Afrique, iii) tous les échantillons de l'Asie. Trois méthodes ont été utilisées pour tester l'histoire démographique de *C. maculatus*. Les deux premières méthodes sont les mêmes que celles utilisées dans le chapitre précédent pour inférer l'histoire démographique en Afrique de l'Ouest ; c'est-à-dire les tests statistiques de neutralité utilisant le D de Tajima et le Fs de Fu et la disparité de distribution (mismatch distribution). En plus de l'indice de Tajima's D et de Fu's Fs, nous avons calculé l'indice R2 de (Ramos-Onsins & Rojas, 2002). Les indices de Fs et R2 sont les analyses les plus fiables pour la détection la croissance de population, avec Fs plus adapté pour les échantillons de grande taille et R2 pour les échantillons de petite taille (Ramos-Onsins & Rojas, 2002). La troisième méthode utilisée est « Extended Bayesian Skyline Plot » (EBSP), implémenté sous BEAST. Cette méthode a l'avantage de considérer simultanément l'histoire de coalescence de chaque gène pour caractériser la taille effective de la population en fonction du temps en utilisant un échantillonnage MCMC. Deux cycles indépendants ont été effectués pour 100.000.000 de générations, et les arbres ont été échantillonnés toutes les 10.000 générations. Puis que les modèles les plus complexes n'ont pas pu converger, nous avons appliqué un modèle d'évolution unique (HKY) et un strict taux de substitution identique à toutes les partitions (0.862%/million d'années), qui est la valeur moyenne des taux de substitutions connus dans la bibliographie (voir ci-dessus) pour les régions mitochondriales utilisées dans cette étude. Une fois que les deux cycles ont convergé, nous avons combiné les résultats en utilisant LogCombiner 1.5.3 (Drummond & Rambaut, 2007) et calculé la taille de la population en fonction du temps sous BEAST.

- **Effet de la structure des populations et du départ à la panmixie sur les résultats de l'EBSP :** la méthode de l'EBSP repose sur des hypothèses fortes concernant les caractéristiques démographiques de la (des) population (s) (Heled & Drummond, 2008). L'une de ces hypothèses concerne la panmixie, qui est souvent violée dans les analyses phylogéographiques. Puis que nos résultats montrent que *C. maculatus* montrent une structuration génétique en fonction de la géographie (voir ci-dessous) qui est associée à une réduction des échanges génétiques entre les dèmes, nous avons effectué des analyses supplémentaires pour explorer comment la violation de la panmixie peut affecter les résultats de l'EBSP. Jusqu'à présent, à notre connaissance, seules deux études (Pannell, 2003 et Chikhi *et al.*, 2010) ont investigué les conséquences de la structure des populations sur la caractérisation de la taille efficace de la population en fonction du temps, mais aucune de ces deux n'a abordé le sujet d'un point de vue phylogéographique. Dans cette section, nous avons décidé d'évaluer la cohérence des résultats démographiques obtenus lorsque différents jeux de données réduites ont été considérés en se basant sur une sélection aléatoire d'échantillons prélevés (bootstrap de l'ensemble des données). Nous avons donc effectué les mêmes analyses d'EBSP de cinq série de dix ensemble de données bootstrap chacun. Nous avons sélectionné aléatoirement un échantillon par population (« un échantillon par population » de l'ensemble des données) pour i) toutes les populations échantillonnées (« un échantillon par population » jeu de données totales), ii) toutes les populations africaines (« un échantillon par population » jeu de données africaines), iii) toutes les populations asiatiques (« un échantillon par population » jeu de données asiatiques) d'une part, et d'autre part, nous avons sélectionné aléatoirement 30 échantillons « au hasard » dans l'ensemble des jeux de données de iv) toutes les populations échantillonnées (« au hasard » ensemble de données complètes) et v) toutes les populations africaines (« au hasard », ensemble de données africaines). Cette dernière sélection ne pouvait pas être réalisée sur les échantillons provenant de l'Asie, puisque elles ont conduit à un ensemble de données identiques à celui d'origine (notre jeu de données globales comprend 30 spécimens asiatiques). Nous devons être en mesure d'identifier un effet de l'absence de panmixie sur les résultats de l'EBSP, en comparant les résultats provenant des analyses avec échantillonnage aléatoire de 30 individus dans chaque ensemble de données « au hasard » (faible structure génétique) de ceux provenant de analyses « d'un échantillon par population » (structure génétique similaire aux données empiriques) de l'ensemble des données.

Principaux résultats

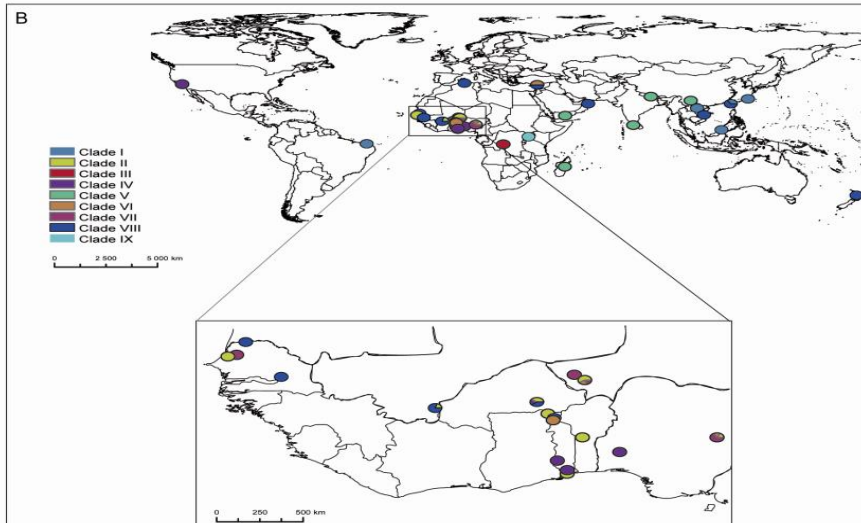
Activité 2

Callosobruchus maculatus : identification génétique des haplotypes de la sous-région ouest-africaine



Analyses phylogénétiques

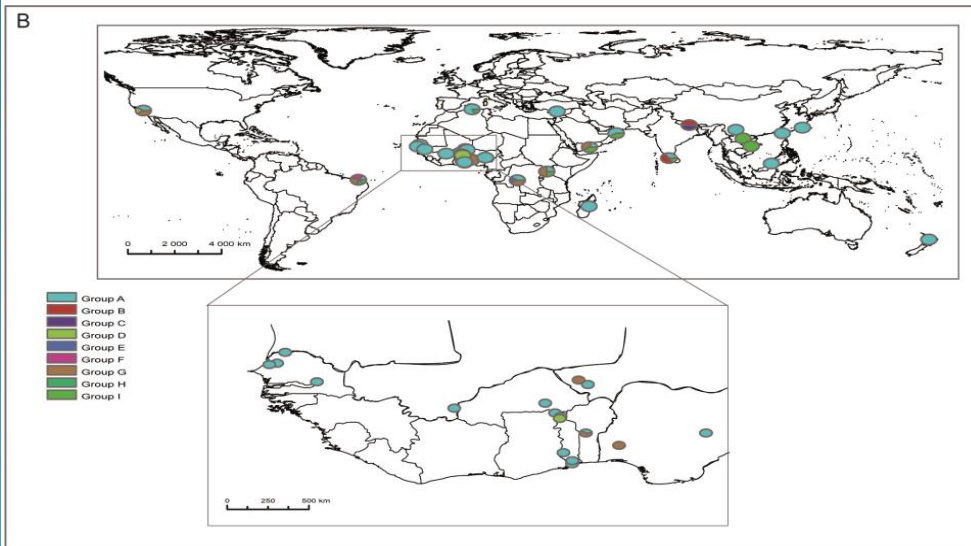
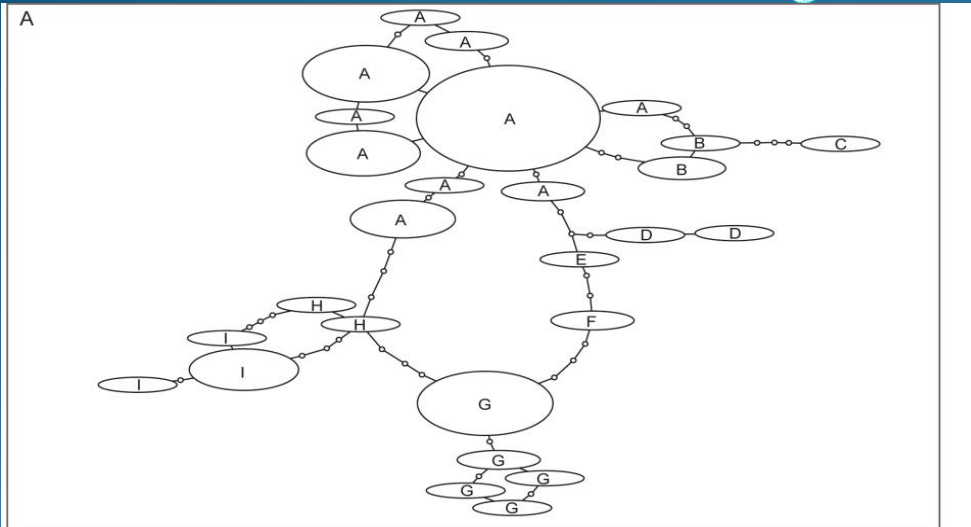
(A) L'arbre bayésien obtenu avec les séquences mitochondriales de *C. maculatus* inféré sous BEAST. Les valeurs de probabilité postérieure (> 0.5) sont montrés sur les nœuds. (B) La distribution spatiales des clades avec la proportion des camemberts correspondant à la fréquence de des clades dans chaque population.



Principaux résultats

Activité 2

Callosobruchus maculatus : identification génétique des haplotypes de la sous-région ouest-africaine



Analyses phylogénétiques

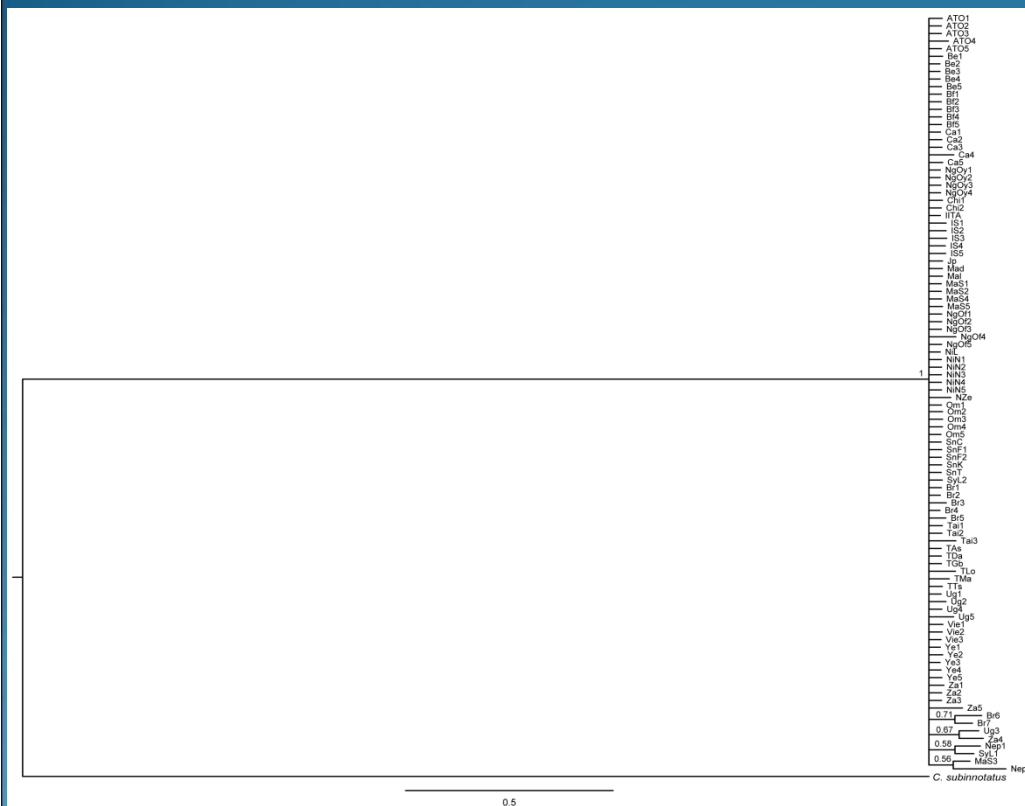
(A) Réseau d'allèles obtenu avec les séquences de l'ITS1 de *C. maculatus* et montrant les différents groupes d'allèles. Les tailles des ellipses sont proportionnelles à la fréquence observée de chaque allèle. (B) La distribution spatiale des groupes d'allèles avec la proportion des camemberts correspondant à la fréquence de chaque groupe allèle et les couleurs se réfèrent au réseau d'allèle.

Principaux résultats

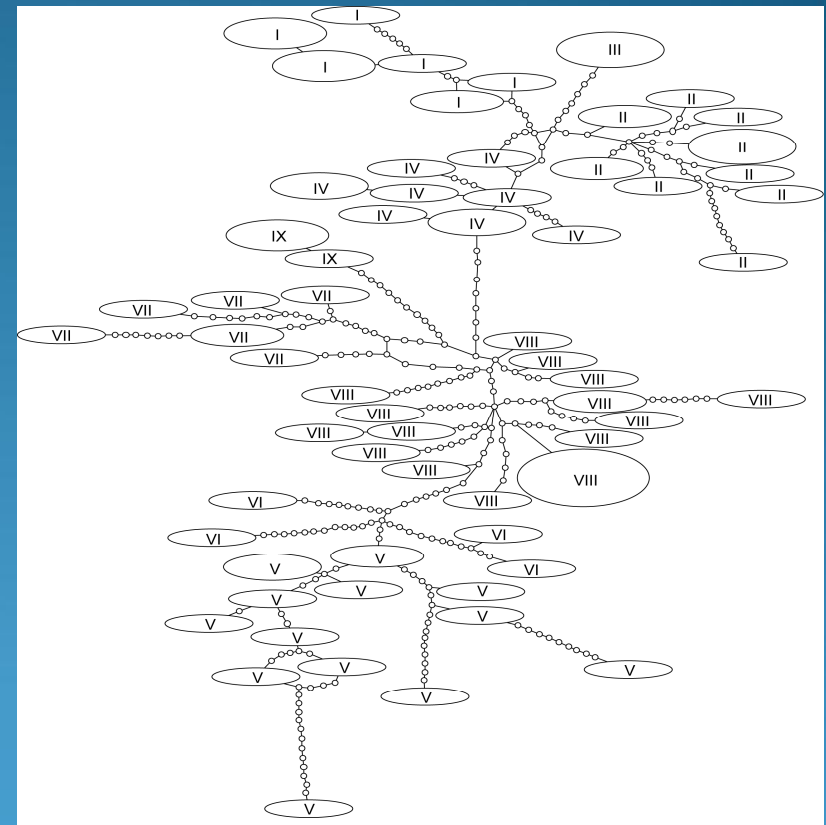
Activité 2

Callosobruchus maculatus : identification génétique des haplotypes de la sous-région ouest-africaine

Analyses phylogénétiques



Arbre bayésien inféré à partir de l'AND nucléaire (ITS₁) de *C. maculatus*



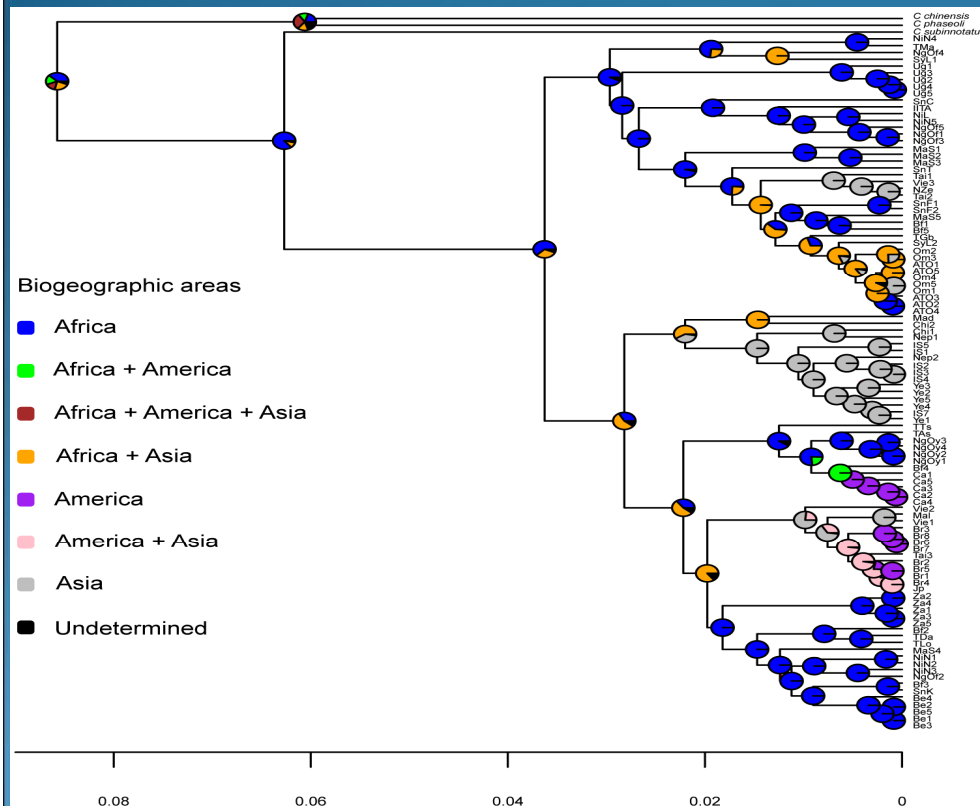
Réseau d'haplotypes obtenu avec les séquences de la matrice d'ADN mitochondrial. Les numéros dans les ellipses correspondent aux neuf clades identifiés.

Principaux résultats

Activité 2

Callosobruchus maculatus : identification génétique des haplotypes de la sous-région ouest-africaine

Analyses biogéographiques



✓ la reconstruction des aires anciennes par le modèle DEC identifie l'ancêtre commun le plus récent de *C. maculatus* en Afrique.

✓ Les scénarios biogéographiques suggèrent que la distribution actuelle de *C. maculatus* a été atteinte suite à cinq évènements de dispersion.

✓ Trois d'entre eux se sont faits de l'Afrique vers l'Asie, un de l'Asie vers le Sud des Amériques et un de l'Afrique vers le Nord des Amériques.

Nos résultats suggèrent que l'Afrique a été le centre de dispersion de *C. maculatus*, avec une absence de migration inverse

Reconstruction des aires biogéographiques ancestrales en se basant sur le modèle Dispersion-Extinction-Cladogénèse (DEC). La proportion des camemberts correspond à la proportion des aires ancestrales dans chaque nœud, avec les couleurs indiquant les aires ancestrales.

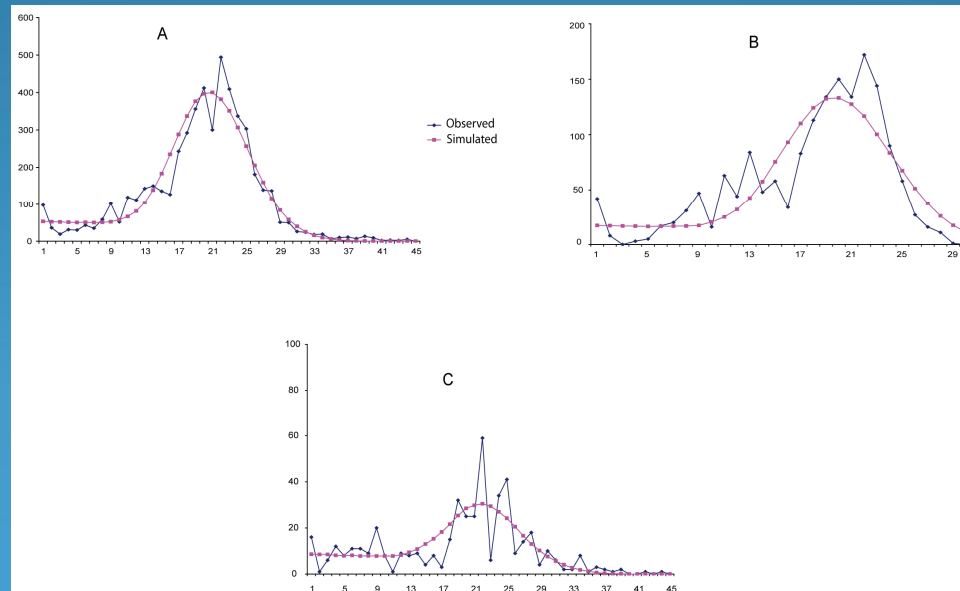
Principaux résultats

Activité 2

Callosobruchus maculatus : identification génétique des haplotypes de la sous-région ouest-africaine

Histoire démographique

Group	D	F _s	R ₂	SSD	R _g
Total	-1.53*	-21.99*	0.05*	0.0022	0.0048
Africa	-1.40*	-9.11*	0.06	0.0063	0.0075
Asia	-0.25	-2.93	0.11	0.0130	0.0345*



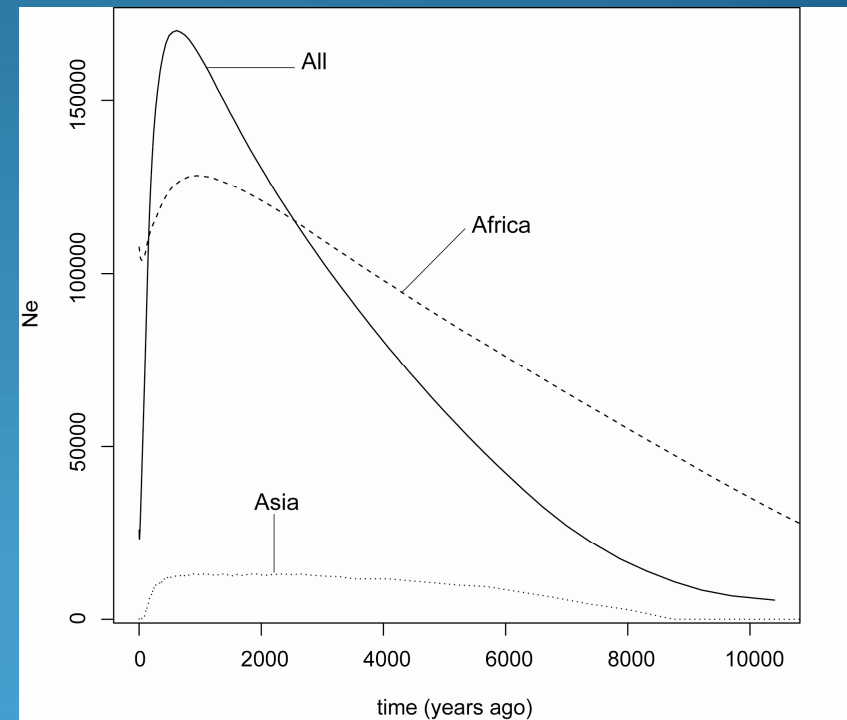
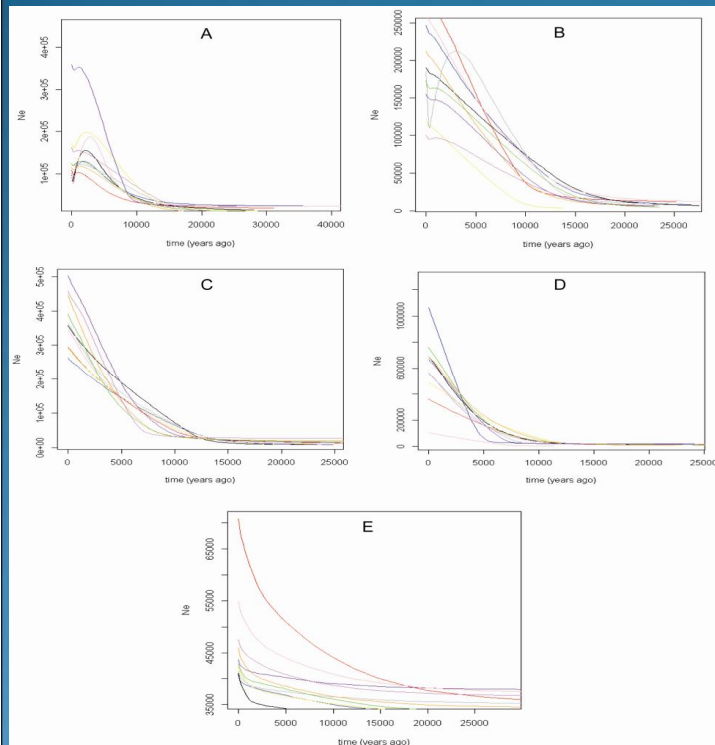
Disparité de distribution obtenue avec la matrice mitochondriale (mt_matrice). L'axe des X représente le nombre de différence par paire et l'axe des Y représente le nombre de données simulées et observées. A, population totale ; B, population africaine ; C, population asiatique.

Principaux résultats

Activité 2

Callosobruchus maculatus : identification génétique des haplotypes de la sous-région ouest-africaine

Effet de la structure des populations et du départ à la panmixie sur les résultats de l'EBSP



Résultats des analyses de l'ensemble de données bootstraps. A : « random, jeu de données totales ». B : « random, jeu de données africaines ». C : « un échantillon par population, jeu de données totales ». D : « un échantillon par population, jeu de données africaines ». E : « un échantillon par population, jeu de données asiatiques ». L'axe des X représente le temps en million d'années et l'axe des Y, les taille effective de populations.

Principaux résultats

Activité 3

évaluation de la sensibilité des bruches aux insecticides utilisés dans la conservation des récoltes

- ❑ Différence significative entre souches de zones agro-écologiques différentes
- ❑ Mise en évidence de phénomène de résistance à certains insecticides comme la deltaméthrine

Thèse soutenue

✓ Khadim Kébé (Doctorat Unique Génétique des Populations; 2013; N°33) Phylogénie et phylogéographie de différentes populations de la bruche *Callosobruchus maculatus*, ravageur des stocks de niébé.

Thèse à soutenir

✓ Awa Ndiaye (Doctorat Unique Génétique des Populations) Caractérisation génétique, évaluation des flux de gènes et étude de la sensibilité aux insecticides pour différents écotypes de la bruche *Caryedon serratus*, ravageur de stocks d'arachide.

Mémoires soutenus

- ✓ Ndiaye Awa. (2010). Caractérisation génétique par PCR-RFLP de deux insectes Bruchidae : *Callosobruchus maculatus* Fab. et *Bruchidius atrolineatus* Pic. ravageurs des stocks de niébé *Vigna unguiculata* L. Walp, Master en génétique des populations, Université C.A.D. de Dakar. N°2.
- ✓ Ndong Assane. (2010). Caractérisation génétique par pcr-séquençage de populations ouest africaine de la bruche *Caryedon serratus* (Coleoptera, chrysomelidae, bruchinae) ravageur des stocks d'arachide, Master en génétique des populations, Université C.A.D. de Dakar. N°49.
- ✓ Diome Tofféne. (2010). Les écotypes ouest africains de la bruche *Caryedon serratus* Ol. Ravageur de l'arachide : identification génétique par pcr-séquençage du gène mitochondrial Cytochrome b, Master en génétique des populations, Université C.A.D. de Dakar. N°48.
- ✓ Moumouni Dan Mairo A. (2011) : Cartographie des paramètres démographiques de *C. maculatus* au Niger. Master en Phytotecnie, Université Abdou Moumouni de Niamey.
- ✓ Eugène Mbar Tine. (2011) « Diversité génétique des populations de la bruche du niébé *Callosobruchus maculatus* Fab. (Coleoptera, Bruchinae) dans diverses zones agro-écologiques de la sous-région Ouest Africaine. ». Master en génétique des populations. Université C.A.D. de Dakar. N°80.
- ✓ Khadidiatou Cissokho. (2012). Identification génétique des populations de la bruche de l'arachide: *Carydon serratus* Ol. Dans les zones agro-écologiques et les bassins de culture en Afrique de l'Ouest. Master en génétique des populations. Université C.A.D. de Dakar. N°124.

Mémoires soutenus (Suite)

- ✓ Ciss Matar. (2012). Ecotypes ouest africains de la bruche de l'arachide : structuration en fonction de l'usage des pesticides et de la durée d'infestation. Master en génétique des populations, Université C.A.D. de Dakar. N°126.
- ✓ Sow Cheikhou (2012). Ecotypes ouest africains de la bruche du niébé : impact de l'utilisation des pesticides sur la structuration génétique de *Callosobruchus maculatus*. Master en génétique des populations, Université C.A.D. de Dakar. N°146.
- ✓ Affo-dogo (2013). Etude comparative de trois souches de *Callosobruchus maculatus* du Togo : capacités reproductives et sensibilité vis-à-vis de trois insecticides de synthèses. Master en Protection durables des cultures et de l'environnement, AGRHYMET, 54 pages.

Publications

1. Sembène M., Kébé K., Delobel A. & Rasplus J.-Y. 2010. Phylogenetic information reveals the peculiarity of *Caryedon serratus* (Coleoptera, Chrysomelidae, Bruchinae) feeding on *Cassia sieberiana* DC (Caesalpinioideae), *African Journal of Biotechnology*, 9(10): 1470-1480. (www.academicjournals.org/JCAB); Impact factor 2010 = 0.54.
2. Sembène M, Ndiaye A., Doumma A., Kébé K., Sanon A., Kétoh K. G., Granjon L. & J.-Y. Rasplus 2010. When DNA sequences and microsatellites loci tell the story of field groundnut infestation by *Caryedon serratus* Ol. (Coleoptera, Chrysomelidae, Bruchinae). *Journal of Cell and Animal Biology*, (10): 143-150. (www.academicjournals.org/JCAB).
3. Thiaw C., Sembène M. 2010. Biopesticide activity of crude and chemical fraction extracts of *Calotropis procera* Ait. towards the groundnut seed-beetle *Caryedon serratus* Ol. (Coleoptera, Bruchidae). *International Journal of Biology and Chemistry Sciences*, 4(6): 2220-2236. (<http://ajol.info/index.php/ijbes>).
4. Guèye S., Diop M.T., Seck D. & Sembène M. 2011. Biochemical fractions activity of *Annona senegalensis* Pers. extract leaves to protect groundnut against the seed-beetle *Caryedon serratus* OL. (Coleoptera, Chrysomelidae, Bruchinae). *International journal of Plant and Animal Science*, 1 (2):122-130. (www.ijpaes.com).
5. Diome T, Ndiaye A, Ndong A, Doumma A, Sanon A, Kétoh-K G & Sembène M. 2011. Genetic identification of West African ecotypes of the groundnut seed-beetle *Caryedon serratus* Ol. (Coleoptera, Chrysomelidae). *South Asian Journal of Experimental Biology*, 1 (2): 88 - 93 (<http://sajeb.org>).
6. Kébé K. & Sembène M. 2011. Cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) field infestation by the bruchids (Coleoptera: Bruchidae) in the northern Senegal: preliminary biological and ecological data. *Journal of Applied Biosciences*, 41: 2788 - 2796 (<http://www.biosciences.ilewa.org/JABsIndex.html>).
7. Doumma A., Alfari B.Y., Sembène M., Sidikou S.D.R., Sanon A., Kétoh G.K., Kadidia A.H. & Glitho I.A. 2011. Toxicity and persistence of *Boscia senegalensis* Lam. (Ex Poir.) (Capparaceae) leaves on *Callosobruchus maculatus* Fab. (Coleoptera: Bruchidae). *International Journal of Biological and Chemical Sciences* (sous presse), 5(4): 1562-1570. (<http://ajol.info/index.php/ijbes>).
8. Ndiaye A. & Sembène M. 2011. Haplotypic diversity of West African populations of groundnut seed - beetle, *Caryedon serratus* Ol. (Coleoptera, Chrysomelidae, Bruchinae): results from geographical and DNA sequences data. *Journal of Cell and Animal Biology* 5 (9): 187 - 195 (www.academicjournals.org/JCAB).

Publications (Suite)

9. Ndong A., Diome T., Thiaw C., Ndiaye A., Kébé K., Doumma A., Kétoh G.K., Sanon A. & Sembène M. 2011. Several haplotypes of groundnut (*Arachis hypogaea* L.) seed-beetle, *Caryedon serratus* Ol. (Coleoptera: Chrysomelidae, Bruchinae), in West Africa: Genetic identification using 28S sequences. *African Journal of Biotechnology* 10(55): 11409-11420 (www.academicjournals.org/JCAB);
10. Doumma A., Salissou O., Sembène M., Sidikou S.D.R., Sanon A., Kétoh G.K., & Glitho I.A. 2011. Etude de l'activité reproductrice de *Callosobruchus maculatus* (F.) (Coleoptera : Bruchidae) sur dix variétés de niébé, *Vigna unguiculata* (L.) Walp. en présence ou non de son parasitoïde, *Dinarmus basalis* R. (Hymenoptera : Pteromalidae). *Journal of Animal & Plant Sciences*. 11 (2): 1398-1408. (<http://www.biosciences.elwa.org>).
11. Sembène M., Kébé K & Delobel A. 2012. Effet structurant de la plante hôte chez la bruche de l'arachide, *Caryedon serratus* (Olivier, 1790) (Coleoptera : Bruchidae). *Biotechnologie Agronomie Société et Environnement*, 16(1) : 3-11. (www.bib.fsagx.ac.be/base/).
12. Sembène M., Thiaw C., Doumma A., Sanon A., Kétoh G. K & Delobel A. 2012. Préférence de ponte et niveaux d'adaptation de différentes souches de *Caryedon serratus* Ol. (Coleoptera : Bruchidae) à l'arachide (*Arachis hypogaea* L., Fabaceae). *Annales de la société Entomologique de France*, 48(1-2) : xxx-xxx. (ann.sef.free.fr).
13. Ndong A., Kébé K., Thiaw C., Diome T & Sembène M. 2012. Genetic distribution of the Cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) bruchid (*Callosobruchus maculatus* F., Coleoptera, Bruchidae) populations in different agro-ecological areas of West Africa. *Journal of Animal Science Advances*. 2(7): 616-630. (www.grjournals.com).
14. Diome , Ndong A., Kébé,K. Thiaw C., Ndiaye, A. Doumma A., Sanon A., Kétoh G. & Sembène M. 2013. Effect of agro-ecological zones and contiguous basin crops of groundnut (*Arachis hypogaea*) on the structuring and genetic diversity of *Caryedon serratus* (Coleoptera: Chrysomelidae, Bruchinae) in the sub-region of West Africa. *Journal of Asia-Pacific Entomology*, 16, 209-217.
15. Kébé et coll. Biological evolution and phylogeographical dispersion of *Callosobruchus maculatus* F. (Coleoptera, Bruchidae) (en preparation)
16. Ndiaye a. et coll . Genetic structuration and gene flow between *C. serratus* Ol. (Coleoptera : Bruchidae) populations in the sub-region of West Africa (en preparation)



**Merci de votre aimable
attention**