

Auteur : Mama Racky NDIAYE

Titre : Evolution phylogéographique & structure génétique des populations de *Sitophilus zeamais* (Coleoptera, Curculionidae), ravageur du maïs stocké en Afrique de l'Ouest

Résumé

Le charançon du maïs ou *Sitophilus zeamais* (Motschulsky, 1855) est connu en raison de son extraordinaire potentiel de destruction des céréales stockées ; mais peu de données sont connues sur la phylogéographie et la structure génétique de ce ravageur en Afrique subsaharienne. En outre, l'objectif de cette thèse est de définir la phylogéographie des populations ouest-africaines et d'estimer leur flux génique à l'aide de données de séquençage (*Cytochrome B* et *Cytochrome oxydase I*) et de génotypage. L'analyse de ces dernières révèle la présence de 30 haplotypes (*ADNmt*) contre 33 allèles (SSR). L'haplotype majoritaire a représenté environ 43% de la population totale et a relié l'Afrique de l'Ouest à l'Afrique centrale. Les analyses moléculaires ont indiqué la présence d'une structure génétique sans signal phylogéographique. Ceci est la résultante d'un flux multidirectionnel asymétrique (infestation croisée) qui serait très probablement lié aux impacts anthropiques à travers les activités commerciales. Les populations ont aussi présenté un bon potentiel de viabilité renforcé par une dispersion passive à travers le commerce des grains ; et la diversité génétique est plus importante dans le Nord d'où partiraient les voies de dispersion depuis la période du Pléistocène. Les inférences multivariées et bayésiennes suggèrent l'existence de 4 à 5 principaux *clusters* génétiques qui se sont séparés après un goulot d'étranglement suivi d'une expansion démographique modérée depuis la période du pléistocène.

Cette étude a fourni de nouveaux aperçus dans la description de la base et de la différenciation génétiques des populations de *S. zeamais* dans la sous-région ouest-africaine. Elle a aussi permis de comprendre les processus qui gouvernent les paramètres biogénétiques de ces populations. Par conséquent, il constitue un outil dans les perspectives de gestion durable des ressources agricoles. En effet, la connaissance de la biologie évolutive permet d'influencer sur différents paramètres pour diminuer, voire éliminer les effets néfastes de ces ravageurs.

Mots-clés : *Sitophilus* ; *zeamais* ; Phylogéographie ; Flux génique ; *Cytochrome b* ; *Cytochrome oxydase I* ; SSR ; Zones biogéographiques ; Afrique de l'Ouest ; Afrique subsaharienne.

Title: Phylogeographical Evolution & Genetic Structure of Populations of *Sitophilus zeamais* (Coleoptera, Curculionidae), Pests of Stocked Corn in West Africa

Abstract

The maize weevil or *Sitophilus zeamais* (Motschulsky, 1855) is known because of its extraordinary potential for destroying stored grain; but little is known about its phylogeography and genetic structure in sub-Saharan Africa. Therefore, the aim of this thesis is to define the phylogeography of West African populations and to estimate their gene flow using sequencing data (*Cytochrome B* and *Cytochrome oxidase I*) and genotyping. The analysis of the latter reveals the presence of 30 haplotypes (*mtDNA*) against 33 alleles (SSR). The majority haplotype represented about 43% of the total population and connected West Africa to Central Africa. Molecular analyzes indicated the presence of a genetic structure without a phylogeographic signal.

This is the result of an asymmetric multidirectional flow (cross infestation) that would most likely be related to anthropogenic impacts through commercial activities. Populations also showed good viability potential reinforced by passive dispersal through the grain trade; and genetic diversity is more important in the north from which dispersal routes would have started since the Pleistocene period. The multivariate and Bayesian inferences suggested the existence of 4 to 5 main clusters that have separated after a bottleneck followed by a moderate population expansion since the Pleistocene period.

This study provided new insights into the description of the genetic basis and differentiation of *S. zeamais* populations in the West African sub-region. It also helped to understand the processes that govern the biogenetic parameters of these populations. Therefore, it constitutes prospects for sustainable management of resources. Indeed, knowledge of evolutionary biology can influence parameters to reduce or even eliminate harmful effects of these pests.

Key-words: *Sitophilus*; *zeamais*; Phylogeography; Gene flow; *Cytochrome B*; *Cytochrome oxidase I*; SSR; biogeographical zones; West Africa; Sub-Saharan Africa.