



Le champignon responsable de la dévastation des populations d'amphibiens à travers le monde provient d'une colonisation récente en provenance de l'Asie de l'Est

Le champignon chytride, ou *Batrachochytrium dendrobatidis*, a longtemps été identifié comme une cause du déclin et de l'extinction des espèces de grenouilles, de crapauds, de tritons et d'autres amphibiens à travers plusieurs continents. Le chytride est distribué dans le monde entier mais, à ce jour, il n'est toujours pas clair où sont apparues les souches tueuses du pathogène.

Une nouvelle étude publiée dans la revue scientifique *Science* en mai 2018 menée par des chercheurs de l'Imperial College de Londres et de nombreux partenaires dont la Zoological Society of London et l'École Pratique des Hautes Études (EPHE), en association avec le CNRS¹ montrent que le champignon pathogène qui ravage actuellement les populations d'amphibiens sur tous les continents est originaire d'Asie de l'Est. Cette colonisation s'est faite au cours du XX^{ème} siècle, et le commerce international des amphibiens a favorisé cette épidémie.

Les chercheurs soulignent la nécessité de renforcer la biosécurité à travers les frontières, y compris une interdiction potentielle du commerce des amphibiens comme animaux de compagnie, pour assurer la survie des espèces vulnérables.

Les maladies infectieuses peuvent provoquer des épizooties à l'origine du déclin, voire de la disparition d'espèces animales sauvages dans le monde entier. La grippe aviaire est responsable de la mort de millions d'oiseaux, et la maladie du nez blanc met en péril plusieurs espèces de chauve-souris d'Amérique du Nord. Chez les amphibiens, des disparitions de populations et d'espèces sont observées depuis plus de vingt ans sans que les causes connues principales (comme la disparitions ou altérations des habitats) ne soient impliquées. Plusieurs maladies virales et bactériennes ont été décrites, mais c'est une infection fongique qui est responsable de mortalité massive en Australie, en Amérique centrale, du Nord et du Sud, aux Caraïbes et en Espagne pour l'Europe. Cette panzootie (maladie observée sur plusieurs continents) a été attribuée à l'émergence d'une lignée d'un champignon *Batrachochytrium dendrobatidis* (appelée BdGPL, pour *Global Panzootic Lineage*). Cependant, 20 ans après l'identification du pathogène, la période de son expansion mondiale reste inconnue, les estimations disponibles donnant des valeurs de – 100 ans et – 26 000 ans. L'origine géographique du champignon est aussi contestée.

Afin de résoudre ces questions sur l'origine temporelle et spatiale de la panzootie, les collaborateurs de cette étude ont récolté sur le terrain, grâce à des frottis cutanés suivis par la culture au laboratoire, le champignon infestant les amphibiens (Anoures, Urodèles et Gymnophiones) sur tous les continents. Le séquençage de l'ADN de ces champignons a permis d'identifier 177 isolats (individus identifiés génétiquement). Avec ceux déjà décrits dans la littérature, c'est un panel de 234 isolats qui était disponible pour les analyses de phylogénie.

La phylogénie (l'étude des relations de parenté entre les individus génétiques) a été réalisée grâce au séquençage de marqueurs génétiques SNPs (single-nucleotide polymorphisms) et leur positionnement sur un génome de référence de *B. dendrobatidis*. Cette phylogénie a permis de décrire des lignées déjà connues (*BdGPL*, à répartition globale, *BdCAPE* en Afrique, *BdCH* en Europe, et *BdBRAZIL* au Brésil). Mais une nouvelle lignée génétiquement très diverse est découverte, en provenance de la péninsule Coréenne (*BdASIA-1*). La lignée *BdCH* qui n'était connue qu'en Suisse, se regroupe maintenant avec la lignée *BdASIA-1*. Une deuxième lignée Asiatique (*BdASIA-2*) est identifiée chez des Grenouilles taureaux, originaire d'Amérique du Nord, et introduites en Corée.

¹ Cette étude implique en France des chercheurs du Cirad de la Réunion et du laboratoire Astre du Cirad, du Laboratoire écologie, évolution, interactions des systèmes amazoniens (CNRS/Ifremer/Université de Guyane), du Laboratoire écologie fonctionnelle et environnement (CNRS/Université Toulouse III - Paul Sabatier/INP Toulouse) et du Centre d'écologie fonctionnelle et évolutive (CNRS/Université de Montpellier/Université Paul Valéry Montpellier/EPHE)



La comparaison de ces lignées montre que la diversité en nucléotides et le nombre de sites de ségrégation sont beaucoup plus forts pour la lignée BdASIA-1. Cette lignée n'est observée que chez des amphibiens sauvages de Corée (et dans une boutique avec des amphibiens captifs pour la terrariophilie en Belgique). Les amphibiens porteurs de cette lignée ne sont pas affectés. Des analyses complémentaires confirment que la lignée BdASIA-1 est endémique de la péninsule coréenne, et représente la population ancestrale de *B. dendrobatidis*.

Reste à dater l'origine de la « sortie » d'Asie de cette lignée. Le génome de l'ADN mitochondrial de la lignée BdGPL a été complètement séquencé, ainsi que le génome autosomal. Avec des horloges moléculaires (taux de substitution par an) pour l'ADN mitochondrial et nucléaire, l'ancêtre de la lignée BdGPL est estimé à – 50 à – 120 ans. Avec des données historiques (premières descriptions de BdGPL en Australie, en Amérique centrale et en Europe (Sierra de Guadarrama et Pyrénées), l'estimation de son origine est à 1975 [de 1939 à 1989], soit une confirmation de son émergence récente.

La description de la structure génétique des lignées décrites révèle différents phénomènes, comme des hybridations entre lignées connues et des chimères de multiples lignées probablement d'Asie et qui restent à être décrites sur le terrain. Ces génomes hybrides montrent que *B. dendrobatidis* échange du matériel génétique quand les lignées sont en contact après des transferts intercontinentaux, générant ainsi une nouvelle diversité génomique.

Des expériences d'exposition de têtards et jeunes crapauds « communs », aux différentes lignées de *B. dendrobatidis* montrent que la virulence est variable et que BdGPL est la lignée la plus virulente pour les têtards et les métamorphosés.

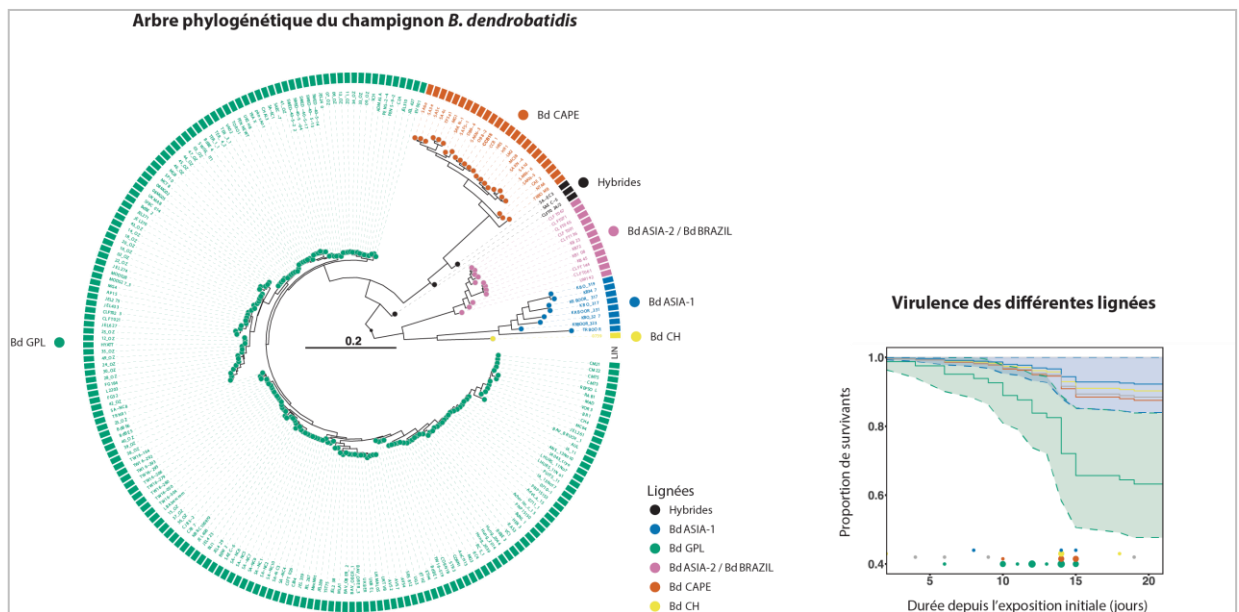


Figure. Arbre phylogénétique du champignon *B. dendrobatidis* révélant 4 lignées fortement divergentes (BdGPL, BdASIA-1, BdASIA-2/BdBRAZIL, et BdCAPE).

Chaque lignée est représentée par une couleur différente. La virulence de chaque lignée est testée par l'exposition de têtards de crapaud commun *Bufo bufo*. La lignée BdGPL est la plus virulente pour cette espèce d'amphibiens comparée aux autres lignées. © Figure adaptée de O'Hanlon et al. (2018) par A. Miaud. Mai 2018



En conclusion, cette étude montre l'origine asiatique de *B. dendrobatidis*, avec un hot-spot de diversité en Corée. *BdGPL* a émergé au début du XX^e siècle par une route inconnue à ce jour, pour infester 700 espèces d'amphibiens parmi les 1300 testées. Les arbres phylogénétiques réalisés montrent des proximités génétiques pour des isolats du champignon qui sont récoltés sur des amphibiens sauvages habitants des continents différents. Les amphibiens déplacés par les activités humaines (commerce international) sont porteurs de ces différentes lignées. La rapidité de la colonisation mondiale de *BdGPL* et des autres lignées, et la mise en contact de ces différentes lignées ne peut s'expliquer que par le commerce international des amphibiens. L'apparition d'un autre champignon pathogène des amphibiens, *D. salamandrivorans*, en Europe, en lien avec le commerce des amphibiens pour la terrariophilie, en est un autre exemple.

La propagation de pathogène potentiel est donc toujours d'actualité, et le renforcement continu de la biosécurité transcontinentale est essentiel pour la survie des amphibiens dans la nature.

Référence de l'article

Recent Asian origin of chytrid fungi causing global amphibian declines, *Science*, 11 mai 2018

Cette étude implique en France des chercheurs du Cirad de la Réunion et du laboratoire Astre du Cirad, du Laboratoire écologie, évolution, interactions des systèmes amazoniens (CNRS/Ifremer/Université de Guyane), du Laboratoire écologie fonctionnelle et environnement (CNRS/Université Toulouse III - Paul Sabatier/INP Toulouse) et du Centre d'écologie fonctionnelle et évolutive (CNRS/Université de Montpellier/Université Paul Valéry Montpellier/EPHE)

Contacts

Patricia LEDOUX,
Directrice de la communication
Tél. : 01 53 63 61 50
patricia.ledoux@ephe.psl.eu

Claude MIAUD,
Directeur d'études, EPHE-Université PSL
Centre d'Écologie Évolutive et Fonctionnelle
Tél. : 04 67 61 33 43
claude.miaud@ephe.psl.fr

À propos de l'EPHE

L'École Pratique des Hautes Études (EPHE) est un établissement d'enseignement supérieur et de recherche de renommée internationale. La spécificité de l'établissement réside dans sa méthodologie de **formation par la recherche et dans des enseignements originaux**, associant un degré de spécialisation important. Dans le cadre de l'Université PSL, l'EPHE délivre le master, le doctorat et l'habilitation à diriger des recherches. Elle prépare aussi à ses diplômes propres : diplôme de l'EPHE et diplôme post-doctoral.

- 3 sections :
 - Sciences de la vie et de la terre
 - Sciences historiques et philologiques
 - Sciences religieuses
- 3 Instituts
- 270 enseignants-chercheurs
- 2 200 étudiants et auditeurs dont 600 doctorants
- 230 personnels administratifs et de recherche
- 44 laboratoires, unités et équipes d'accueil

Nos instituts, laboratoires d'Excellence & partenaires :

