



AVIS DE PRESENTATION DE THESE EN SOUTENANCE POUR L'OBTENTION DU DIPLOME NATIONAL DE DOCTEUR

D.R.E.D.E

Direction Recherche

Etudes Doctorales

Europe

Madame Alice SAUNIER

Présentera ses travaux intitulés :

« Bases génétiques de la différenciation adaptative en milieu anthropisé chez *Macoma balthica*, un bivalve marin à fort flux génique»

Spécialité : Biologie de l'environnement, des populations, écologie

Le 11 décembre 2015 à 14h00

Lieu :

**Université de La Rochelle
Pôle Communication, Multimédia et Réseaux
Amphithéâtre
44 Av. Albert Einstein
17000 LA ROCHELLE**

Composition du jury :

M. AURELLE Didier

M. BACHELET Guy

M. BLIER Pierre

Mme GARCIA Pascale

Mme LAPEGUE Sylvie

Maître de conférences, HDR, Université Aix Marseille

Directeur de recherche, HDR, Université de Bordeaux

Professeur, Université du Québec, Rimouski

Professeur, Université de la Rochelle

Cadre de recherche, HDR, Ifremer la Tremblade

Résumé :

Dans un contexte environnemental anthropisé, fragmenté et soumis à un changement climatique rapide, l'appréhension des processus d'adaptation locale des organismes marins par l'étude de zones de contact entre taxa proches constitue une approche privilégiée. Dans ces zones, des génotypes hybrides persistent malgré un état de maladaptation liée à des incompatibilités génétiques endogènes et/ou des barrières exogènes. L'histoire biogéographique complexe de la telline baltique *Macoma balthica* fait émerger quatre zones hybrides européennes, dont l'une, localisée autour de la Pointe Finistère (France), est le résultat d'un contact entre deux stocks génétiques ayant divergé en allopatrie. Ces divergences sont susceptibles de rompre la coadaptation entre génomes nucléaire et mitochondrial en raison de l'émergence d'incompatibilités mitonucléaires (MNIs). Ainsi, les sous-unités protéiques des cinq complexes de la chaîne OXPHO sont codées à la fois par des gènes nucléaires et mitochondriaux, et une coévolution inter-génomique étroite est requise pour maintenir la production énergétique cellulaire. De précédentes données de transcriptomique dévoilent de probables MNIs chez *M. balthica* au niveau des complexes respiratoires I et V. Afin d'apporter des éléments de compréhension aux mécanismes de maintien des zones hybrides dans un contexte de pression anthropique, le présent travail se propose de tester l'hypothèse de putatives MNIs dans cette zone de contact. Pour cela, (i) six mitogénomes correspondant à cinq lignées haplotypiques divergentes en Europe ont été séquencés et l'architecture génomique a été étudiée conjointement à une cartographie des mutations des 13 gènes mitochondriaux, (ii) le niveau de transcription de 5 gènes nucléaires et 8 gènes mitochondriaux (complexe I à V) des individus hybrides a été comparé à celui des lignées parentales après détermination du statut d'hybridation de chaque individu (six populations françaises). A défaut d'apporter des éléments de réponses concrets quant à l'existence de MNIs chez *M. balthica*, et ses répercussions évolutives en terme de dépression d'hybridation, ce travail constitue un tremplin vers une étude approfondie de la zone hybride française en développant de nouveaux outils moléculaires, et de solides techniques expérimentales pour la conduite de futurs croisements artificiels.