



STAGE DE RECHERCHE M2 ECOLOGIE EVOLUTION GENOMIQUE Rentrée 2017

Quantification génomique du processus d'évolution régressive lors de la colonisation du milieu souterrain

Université Claude Bernard Lyon 1

Laboratoire d'écologie des hydrosystèmes naturels et anthropisés (LEHNA)

Encadrant : Tristan Lefébure (tristan.lefebure@univ-lyon1.fr)

Les structures vestigiales, correspondant à des structures non-fonctionnelles ayant régressées à partir d'un état fonctionnel, constituent à la fois l'un des faits le plus marquant en faveur de la théorie darwinienne de l'évolution biologique par modification de la descendance et l'une des grandes questions ouvertes en biologie évolutive. En effet si la modification d'organes fonctionnels donne tout son sens à l'existence de structures régressées, les mécanismes par lesquels ces modifications régressives opèrent et l'importance quantitative de ces régressions dans l'adaptation à de nouveaux environnements restent largement débattus.

Pour Darwin l'existence de telles structures était difficilement explicable par un mécanisme de sélection naturelle et, concernant la régression du système oculaire chez les téléostéens cavernicoles, il finit par recourir à une notion de non utilisation (« disuse »). Toutefois cette notion ne renseigne en rien des processus en jeu. Plus récemment deux grandes familles d'hypothèses ont été formulées. D'une part une hypothèse neutraliste où l'émergence de structures vestigiales est liée à la disparition de sélection purifiante et à la fixation par dérive de mutations délétères pour la structure. A l'opposé les théories adaptatives (énergétique, fonctionnelle, développementale ou pléiotropique) reposent sur l'hypothèse que les structures fonctionnelles et non utilisées ont un impact sur la fitness réduisant ainsi la valeur adaptative des organismes les portant.

L'étude des milieux souterrains colonisés indépendamment par de nombreux animaux portant des structures vestigiales ou totalement régressées (le syndrome de troglomorphyse) a largement contribué à la formalisation de ce débat. Toutefois l'absence de données génomiques a longtemps constitué un point de blocage insurmontable. Avec la démocratisation des techniques de séquençage dites de deuxième génération, il est aujourd'hui possible d'élargir la notion de structures vestigiales à l'ensemble des gènes subissant une non-fonctionnalisation, offrant ainsi de nouvelles possibilités d'analyser quantitativement ce processus et peut être, à terme, de résoudre de façon conclusive le débat opposant théories adaptatives et théorie neutraliste.

A partir de séquençage de séquençage de génome à faible couverture et de transcriptomes pour 15 couples d'espèces souterrain/surface, l'objectif de ce stage sera de quantifier l'importance du phénomène d'évolution régressive génomique lors de l'adaptation au milieu souterrain. Il s'agira de (i) caractériser l'ensemble des gènes présentant une chute importante et convergente de leur expression en milieu souterrain, (ii) caractériser parmi ces gènes ceux qui présentent des traces de non-fonctionnalisation, et (iii) pour une dizaine de ces gènes de valider leur non-fonctionnalisation par séquençage Sanger.

Ce stage est financé et s'inscrit au sein du projet ANR Convergenomix. Ce programme regroupant plusieurs équipes Lyonnaises a pour objectif de comprendre les phénomènes de convergence génomique.



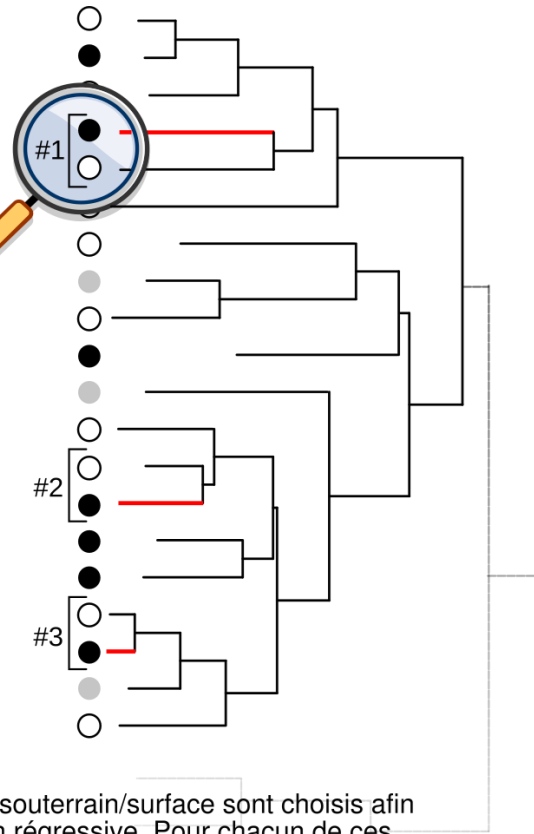
espèce de surface



espèce souterraine

Transition environnementale majeure

crédit photo: Le Pennec



Modèle biologique de l'étude: 15 couples d'espèces souterrain/surface sont choisis afin d'étudier 15 réplicats du même processus d'évolution régressive. Pour chacun de ces couples des transcriptomes et génomes ont été caractérisés. Seul 3 couples sont représentés (rond noir: espèce de surface, gris: espèce en cours de transition, blanc: espèce souterraine).