

Sujet de thèse Unité Evo-Eco-Paléo – campagne 2019

Université : Université de Lille

Ecole doctorale : ED104 Sciences de la matière, du rayonnement et de l'environnement (SMRE)

Filière doctorale : Géosciences Ecologie Paléontologie Océanographie

Titre de la thèse : Étude de la dynamique d'accumulation des barrières aux flux géniques au cours de la spéciation et des forces évolutives associées.

Direction de thèse : Xavier Vekemans

Email de contact : camille.roux@univ-lille.fr

Laboratoire(s) de Rattachement : Unité Evolution, Ecologie et Paléontologie, UMR CNRS 8198

Financement acquis ou demandé : financement demandé à l'Université de Lille

SUJET DE THÈSE

La spéciation est le processus universel à l'origine de la diversité spécifique. Cette discrétisation du vivant est le produit d'une accumulation progressive dans des génomes divergeant de mutations avec peu d'effets sur les performances des individus produits au sein des populations, mais réduisant celles des individus hybrides. Bien que continu dans le temps, le processus de spéciation peut être subdivisé en trois étapes selon *i*) une absence totale de barrière (populations d'une même espèce), *ii*) la présence de barrières semi-perméables (espèces semi-isolées) et *iii*) l'association complète du génome avec des barrières (espèces isolées).

Le projet de thèse consistera à étudier l'évolution de ces barrières à deux échelles de temps et s'organise en trois parties :

- 1) L'étudiant(e) identifiera dans un premier temps les gènes liés à des barrières chez 14 paires d'espèces semi-isolées connues par des approches de modélisation. Ceci permettra de tester l'importance de la recombinaison et des processus adaptatifs entre les gènes « barrières » et les gènes « non barrières ».
- 2) L'effet de la divergence sera étudié expérimentalement en produisant des populations admixées à partir de paires de *Chlamydomonas reinhardtii* qui ont divergé *in natura*. L'hypothèse du rôle de la robustesse des réseaux métaboliques sur les gènes barrières sera testée en identifiant les régions du génomes éliminées rapidement au cours d'une admixt
- 3) L'étudiant(e) contribuera à l'établissement d'une évolution expérimentale d'accumulation de barrières chez *C. reinhardtii*. Les effets de différents processus adaptatifs sur la force des barrières seront empiriquement comparés.

Compétences recherchées : Formation en biologie évolutive, modélisation, analyse de données de séquences.

Mots clefs : Spéciation, génomique des populations, évolution moléculaire, bioinformatique

PhD SUBJECT

Speciation is the universal process at the origin of species diversity. This discretization of living organisms is the product of a progressive accumulation in diverging genomes of mutations with little effect on the performance of individuals produced within populations, but reducing that of hybrid individuals. Although continuous over time, the speciation process can be subdivided into three steps according to *i*) a total absence of barriers (populations of the same species), *ii*) the presence of semi-permeable barriers (semi-isolated species) and *iii*) the complete association of the genome with barriers (isolated species).

The thesis project will study the evolution of these barriers at two time scales and is organized in three parts:

- 1) The student will first identify the genes linked to barriers in 14 known pairs of semi-isolated species through modelling approaches. This will make it possible to test the importance of recombination and adaptive processes between "barrier" and "non-barrier" genes.

- 2) The effect of divergence will be studied experimentally by producing admixed populations from pairs of *Chlamydomonas reinhardtii* that have diverged *in natura*. The hypothesis of the role of metabolic network robustness on barrier genes will be tested by identifying regions of the genomes that are rapidly eliminated during admixt
- 3) The student will contribute to the establishment of an experimental evolution of barrier accumulation in *C. reinhardtii*. The effects of different adaptive processes on barrier strength will be empirically compared.

Requested skills: Training in evolutionary biology, modelisation, analysis of sequenced dataset.

Key words : Speciation, population genomics, molecular evolution, bioinformatics