

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

Monsieur Clément BARTHÉLÉMY

Présentera ses travaux intitulés :

**« Adaptation génétique et détection de la sélection dans le cadre d'évolutions
expérimentales »**

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

Le 2 mars 2020 à 14h00

Lieu :

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

Composition du jury :

M. AUSTERLITZ Frédéric	Directeur de recherche, Muséum National d'Histoire Naturelle
M. FAIVRE Robert	Directeur de recherche, INRA de Toulouse
Mme GARCIA Pascale	Professeure, la Rochelle Université
M. LAMY Jean-Baptiste	Cadre de recherche, IFREMER – Centre Atlantique
Mme LAPEGUE Sylvie	Cadre de recherche, HDR, IFREMER -Centre Atlantique
M. SOULARUE Jean-Paul	Ingénieur, INRA de Bordeaux
M. TENAILLOU Olivier	Directeur de recherche, Université Paris Diderot

Résumé :

L'adaptation est un concept au cœur de la théorie de l'évolution par sélection naturelle. Elle désigne à la fois le processus qui permet l'ajustement des caractères phénotypiques d'un être vivant aux conditions environnementales extérieures et l'état résultant de ce processus. Dans ce cadre, l'adaptation génétique représente l'ensemble des déterminants moléculaires de l'adaptation, c'est-à-dire l'ensemble des mécanismes permettant l'adaptation des espèces à l'échelle moléculaire. Pour étudier les procédés évolutifs à l'œuvre durant l'adaptation on peut étudier l'évolution d'une population expérimentale en réponse aux conditions imposées par l'expérimentateur (environnementales, démographiques, etc.) : c'est l'évolution expérimentale. Lorsque l'on couple ces expérimentations avec du séquençage à haut débit on obtient des données sous forme de séries temporelles permettant d'étudier l'adaptation et la sélection en «en temps réel». Dans cette thèse, nous développerons un modèle de génétique quantitative permettant d'étudier la dynamique évolutive d'un caractère à seuil (représentant les caractères de résistance à des agents infectieux) lors d'une évolution expérimentale. De plus, nous développerons une méthode innovante de détection des locus sous sélection grâce à un procédé de partitionnement des données par la forme des séries temporelles. De plus, nous étudierons l'influence de mécanismes comme l'épistasie, qui représente les interactions entre plusieurs allèles à différents locus, ou la plasticité phénotypique, qui permet à des individus d'exprimer un phénotype différent tout en portant le même génotype, sur l'adaptation génétique et - *a fortiori* - sur l'adaptation.