



**UPMC**  
SORBONNE UNIVERSITÉS

Ministère de l'éducation nationale, de l'enseignement supérieur et de la recherche  
Ministère de l'environnement, de l'énergie et de la mer

## **MUSÉUM NATIONAL D'HISTOIRE NATURELLE**

**Direction de l'Enseignement, de la Pédagogie et des Formations**

---

ECOLE DOCTORALE 227 « SCIENCES DE LA NATURE ET DE L'HOMME : EVOLUTION ET ECOLOGIE »

# **CONCOURS DE L'ECOLE DOCTORALE 227**

**Sujets soumis au concours pour l'obtention d'un contrat  
doctoral**

## SOMMAIRE

|   |           |
|---|-----------|
| <b>UMR 7207 – CENTRE DE RECHERCHE SUR LA PALEOBIODIVERSITE ET LES PALEOENVIRONNEMENTS (CR2P)</b> .....  | <b>6</b>  |
| Loi de Wolff et terrestrialisation des tétrapodes .....   | 7         |
| Convergence de nervation alaire chez les Neuropterida (Insecta): mise en évidence phylogénétique et rôle biomécanique potentiel.....  | 9         |
| Les Strepsirhiniens et les rongeurs du Miocène du Karamoja (Ouganda) : apport aux reconstitutions paléoenvironnementales .....  | 11        |
| Évolution des mammoths laineux : apports de la paléogénomique comparative .....   | 14        |
| Adaptation de la morphologie foliaire aux contraintes environnementales à travers les collections d'herbiers : application aux assemblages fossiles.....                          | 16        |
| <b>UMR 7206 – ECO-ANTHROPOLOGIE ET ETHNOBIOLOGIE</b> .....  | <b>19</b> |
| Etude par modélisation de la sélection polygénique et application à la transition néolithique chez l'Homme .....  | 20        |
| Analyse métagénomique de restes de canidés de la fin du pléistocène supérieur (-45 000 à -17 000 ans) .....   | 22        |
| Des plantes cultivées dans le régime alimentaires des chimpanzés sauvages en milieu anthropisé : risques et bénéfices.....  | 24        |
| Etude paléogénétique des migrations humaines autour de la Mer Caspienne pendant la Protohistoire.....   | 26        |
| Actualité et portée de la conservation in situ : ethnographie de la convention sur la diversité biologique.....   | 29        |
| <b>UMI 3614, EVOLUTIONARY BIOLOGY AND ECOLOGY OF ALGAE</b> .....  | <b>31</b> |
| REALKELP: "Rôle écologique et évolutif de l'adaptation locale des grandes algues brunes dans le cadre du changement global" .....   | 32        |
| REALKELP: "Ecological and evolutionary roles of local adaptation to global change in kelps" .....   | 32        |
| <b>UMR 7144 - ADAPTATION &amp; DIVERSITE EN MILIEU MARIN (AD2M)</b> .....   | <b>35</b> |
| Connectivité trophique entre écosystèmes : rôle des accumulations détritiques subtidales et intertidales de laminaires.....   | 36        |
| Rôle de la sélection et de la transposition sur les mécanismes de spéciation chez les invertébrés hydrothermaux.....  | 38        |
| Variations à long terme de la diversité fonctionnelle des peuplements benthiques en Manche ....   | 41        |
| Modélisation des mécanismes moléculaires impliqués dans l'adaptation aux changements environnementaux chez <i>Synechococcus</i> , un organisme clé du phytoplancton (SynMod)..... | 44        |
| The paradox of being a specialist for a parasite of marine blooming dinoflagellates .....   | 46        |
| <b>UMR 7205 - INSTITUT DE SYSTEMATIQUE, EVOLUTION, BIODIVERSITE (ISYEB)</b> .....   | <b>49</b> |
| Origine de l'endémisme en milieu insulaire : le modèle des Campanules de l'archipel du Cap Vert   | 50        |

|   |           |
|---|-----------|
| Rôle des refuges forestiers et des gradients écologiques dans la diversification des musaraignes afrotropicales .....   | 52        |
| Peut-on définir une radiation adaptative ? Etude du taux de diversification moléculaire versus disparité phénotypique chez les mammifères Carnivora.....  | 55        |
| Les Lépidoptères Saturniidae et Sphingidae de la région néotropicale : patrons spatiaux de diversité et dynamique de leur diversification.....  | 57        |
| Métagénomique et caractérisation de la biodiversité en Nouvelle-Calédonie .....   | 60        |
| Evolution et développement des ailes des papillons Morphos : histoire évolutive d'une aile soumise à de multiples sélections.....   | 62        |
| Ecologie et dynamique génétique des populations de truffe noire ( <i>Tuber melanosporum</i> ) .....   | 64        |
| Des ailes, pour quoi faire ? Evolution des formes et des fonctions des ailes chez les Insectes Orthoptères.....   | 67        |
| Approche génomique de la macroévolution.....  | 69        |
| Taxonomie intégrative, spéciation et diversification des Turridae (Gastropoda, Conoidea) .....  | 71        |
| Effet de l'habitat sur les performances locomotrices chez les crustacés décapodes en milieu aquatique et terrestre.....   | 74        |
| <b>UMR 7245 - MOLECULES DE COMMUNICATION ET ADAPTATION DES MICRO-ORGANISMES (MCAM).....</b>   | <b>76</b> |
| Peptides riches en cystéines d'origine bactérienne : distribution, chimiodiversité et rôle dans les compétitions microbiennes.....  | 77        |
| Use of functional diversity frameworks as a tool to predict aquatic ecosystem response to human impacts / Diversité fonctionnelle et prédiction de la réponse des écosystèmes aquatiques aux pressions anthropiques ..... | 80        |
| <b>UMR 7194 - HISTOIRE NATURELLE DE L'HOMME PREHISTORIQUE .....</b>   | <b>83</b> |
| Approche techno-culturelle de la fracturation des os longs chez les Néandertaliens (Sud-Ouest de l'Europe, MIS 5-3) : une systématisation des gestes ? .....  | 84        |
| Analyses taphonomiques de sites plio-pléistocènes d'Afrique du Sud : implications pour l'étude des comportements de subsistance des hominés.....  | 86        |
| Chronologie des peuplements au Pléistocène supérieur en Afrique du nord après le dernier interglaciaire.....  | 88        |
| Besoins énergétiques et mobilité des Néandertaliens. Approche croisée anatomo-fonctionnelle et archéologique.....   | 90        |
| Intégration de la morphologie crânienne et de la composition osseuse interne au cours de l'évolution du genre Homo .....  | 93        |
| <b>UMR 7179 – MECANISMES ADAPTATIFS ET EVOLUTION (MECADEV).....</b>   | <b>96</b> |
| Impacts de la nutrition et de l'activité physique sur la neurogénèse au cours du vieillissement ....  | 97        |
| Origine et évolution des taxons d'altitude sous les tropiques : le cas des insectes herbivores du Doi Inthanon (Thaïlande).....   | 99        |
| Anatomie de l'hoazin, histoire naturelle et évolutive.....  | 101       |

|  |            |
|--|------------|
| <b>UMR 7204 - CENTRE D'ECOLOGIE ET DES SCIENCES DE LA CONSERVATION (CESCO)</b> .....   | <b>103</b> |
| Intégration des approches fonctionnelles et trophiques des communautés pour une meilleure gestion des écosystèmes exploités en Mer Celtique .....  | 104        |
| Relations diversité-stabilité : de la théorie aux communautés naturelles.....  | 107        |
| Dynamique, régulation et viabilité des populations restaurées: le cas du Vautour moine.....  | 110        |
| <b>UMR 7221, EVOLUTION DES REGULATIONS ENDOCRINIENNES</b> .....  | <b>113</b> |
| Les gènes Dlx et l'émergence des fonctions cognitives .....  | 114        |
| Homéostasie métabolique et longévité : étude comparée du rôle des hormones thyroïdiennes .   | 117        |
| <b>UMR 208, PATRIMOINES LOCAUX ET GOUVERNANCE</b> .....  | <b>120</b> |
| Les relations homme-faune sauvage protégée. Le cas du Phoque gris sur le littoral français .....   | 121        |
| Les recompositions territoriales dans les politiques de conservation : Une relecture de la participation dans les programmes de gestion communautaire des ressources naturelles en Afrique australe et orientale ..... | 124        |
| <b>UMR7196, STRUCTURE ET INSTABILITE DES GENOMES</b> .....   | <b>127</b> |
| Mécanismes d'adaptation à la sénescence télomérique .....  | 128        |
| Etude des mécanismes évolutifs et des fonctions associés aux séquences centromériques de primates .....  | 130        |
| <b>UMR7209, ARCHEOZOOLOGIE, ARCHEOBOTANIQUE : SOCIETES, PRATIQUES ET ENVIRONNEMENTS</b> .....  | <b>133</b> |
| Dynamique des formations végétales et gestion du combustible dans la région du Kopet Dagh (frontière irano-turkmène), du Néolithique à l'âge du Fer (8ème-1er millénaires av. notre ère)..                             | 134        |
| La pêche du Néolithique à l'Age du Bronze dans le Sud-Est de la péninsule arabique (Sultanat d'Oman).....  | 136        |
| Identification des marqueurs morpho-fonctionnels de la domestication appliqués à l'archéozoologie: approche combinant structures trabéculaire, corticale et morphologie externe .....                                  | 138        |
| <b>UMR7232 - BIOLOGIE INTEGRATIVE DES ORGANISMES MARINS</b> .....  | <b>141</b> |
| Réponse des algues aux attaques virales: implication des ARN non-codants .....   | 142        |
| <b>UMR7618, INSTITUTE OF ECOLOGY AND ENVIRONMENTAL SCIENCES IEES PARIS</b> .....   | <b>145</b> |
| Diversité morphologique des ouvrières chez les insectes sociaux : plasticité phénotypique adaptative ou sélection relâchée ? .....   | 146        |
| Boucles de rétroactions entre ingénieurs de l'écosystème et réseaux trophiques bruns dans le contexte des changements climatiques.....   | 148        |
| Effet du recyclage de l'azote sur la coexistence entre herbes et arbres en savane .....  | 150        |
| An Integrative study of organismal responses to environmental change using Austrolebias annual killifish as a model system.....  | 152        |

|  |            |
|--|------------|
| Mécanismes et conséquences démographiques de la flexibilité adaptative de la croissance corporelle .....   | 154        |
| <b>UMR 7208 BIOLOGIE DES ORGANISMES ET ECOSYSTEMES AQUATIQUES (BOREA) .....</b>  | <b>157</b> |
| Biogéographie pélagique de la partie indienne de l’Océan Austral dans le contexte du changement climatique.....  | 158        |
| Synthèse, rôle et devenir des polymères extracellulaires dans les communautés microbiennes agrégées du lac Titicaca.....   | 161        |
| Croissance et prolifération dans le système nerveux des Mollusques: la seiche <i>Sepia officinalis</i> comme modèle d’étude .....  | 164        |
| Dynamique des pressions anthropiques sur les régions biogéographiques de poissons d’eau douce à l’échelle globale : de leur évolution passée aux scénarios futurs .....  | 166        |
| <b>UMR 7590 – INSTITUT DE MINERALOGIE, DE PHYSIQUE DES MATERIAUX ET DE COSMOCHIMIE (IMPMC) .....</b>   | <b>169</b> |
| Minéralogie et composition isotopique des phases d'altération des premières roches du système solaire : de l'eau en phase vapeur à proximité du Soleil jeune ? .....   | 170        |
| <b>UMR 9191 – EVOLUTION, GENOMES, COMPORTEMENT, ECOLOGIE (EGCE) .....</b>  | <b>173</b> |
| Bases comportementales et génétiques du succès reproducteur d’un insecte parasitoïde sur un nouvel hôteUMR .....   | 174        |
| <b>UPR2301- INSITUT DE CHIMIE DES SUBSTANCES NATURELLES .....</b>  | <b>177</b> |
| Diversité génétique et moléculaire des communautés microbiennes associées aux termites de Guyane Française. Occurrence de <i>Pseudallescheria</i> sp. dans les nids de termites de Guyane française et étude de son métabolome in situ ..... | 178        |

**UMR 7207 – Centre de recherche sur la paléobiodiversité et  
les paléoenvironnements (CR2P)**

## **Loi de Wolff et terrestrialisation des tétrapodes**

**Equipes** : Formes et Fonctions

**Directeur de thèse HDR** : Nathalie BARDET

**Co-directeur(s)**: Damien GERMAIN

### **Descriptif du sujet de thèse**

A l'intérieur d'un os, le réseau de travées osseuses s'oriente préférentiellement selon les lignes de force principales. Cette observation appelée « loi de Wolff » a été étudiée principalement chez les mammifères et les oiseaux, et relativement peu chez les autres amniotes (reptiles) et les amphibiens. Or, cette loi pourrait s'avérer utile dans l'étude de la terrestrialisation. En effet, on peut supposer que l'orientation des travées osseuses dans les extrémités d'os longs sera différente en fonction du mode de vie : un animal aquatique ne devrait pas montrer d'orientation privilégiée, un animal terrestre de petite taille montrerait une orientation moins marquée qu'un animal terrestre de grande taille. La première étape consiste à tester statistiquement cette loi de Wolff sur un échantillonnage d'animaux actuels afin de déterminer quels sont les paramètres mesurables les plus pertinents dans le cadre de l'étude. Les observations se feront surtout par CT-scan et pourront être complétées par les techniques histologiques de lames minces. L'échantillonnage sera principalement composé d'urodèles et de squamates dont la morphologie et les modes de locomotion se rapprochent des tétrapodes anciens, mais des crocodiles, des tortues et des grenouilles (non sauteuses) seront également inclus. Les mammifères et les oiseaux en sont exclus à cause de leur posture parasagittale. Néanmoins, certains mammifères comme les monotrèmes pourront être utilisés car le posture est plus horizontale. Différents os longs pourront être testés afin de déterminer quels sont les plus porteurs d'un signal écologique. Appliqués à des taxons éteints, des modèles d'inférence statistiques aideront à affiner le mode de vie et la paléoécologie, en particulier chez des tétrapodes paléozoïques, principaux acteurs supposés de la terrestrialisation des vertébrés. Les études histologie/fonction se sont le plus souvent sur la diaphyse. Des études sur les épiphyses permettraient de confronter les résultats et d'affiner les scénarios évolutifs liés à sortie des eaux. Ce projet est au coeur des préoccupations de l'équipe Formes et Fonctions de l'UMR 7207, en particulier du projet « Terrestrialisation et retours à la vie aquatique dans l'évolution des Vertébrés » (coord. G. Clément & J.S. Steyer). L'étudiant bénéficiera d'un contexte local très favorable et unique au monde, tant du point de vue technique/méthodologique (CT Scan, ateliers de litholamellage, plateformes 3D de l'UMR 7207,...) que scientifique (collections zoologiques, paléontologiques et histologiques du MNHN, compétences et réseau de collaborations au sein de l'UMR 7207). De plus, une partie des analyses concernant les propriétés mécaniques des os se fera au LIB (Laboratoire d'Imagerie Biomédicale, CNRS, UPMC, INSERM), avec l'équipe «Determinant of Bone Mechanical Status», ce qui permettra ainsi de nouer des collaborations à long terme.

## **Résultats attendus**

L'orientation préférentielle des travées osseuses au sein des extrémités des os longs devraient refléter la locomotion d'un animal. Un gradient devrait s'observer entre les animaux principalement aquatiques (sans orientation préférentielle à cause de faibles contraintes gravitaires) et les animaux terrestres, de plus ou moins grande masse corporelle où les contraintes gravitaires croissantes provoquent un remaniement osseux plus important le long des lignes de forces principales. L'observation et la quantification de ces variations dans un échantillonnage de taxons actuels permettra d'élaborer des modèles d'inférence du mode de vie chez des tétrapodes éteints.

## **Stratégie de publication**

Description de la variation de l'architecture trabéculaire chez les taxons actuels (amphibiens et reptiles actuels, deux articles) - Liens statistiques entre orientation des travées osseuses et caractérisation biomécanique de l'os (au moins un article) - En fonction des résultats obtenus sur les modèles actuels, inférence chez les fossiles : évolution de l'architecture trabéculaire au cours de la terrestrialisation chez les tétrapodes (un article)

## **Réorientation possible du sujet**

La prise de risque est minimisée par l'étude préalable chez les actuels qui mènera à des résultats inédits et publiables. En cas d'absence (peu probable) de signal écologique, les variations ontogénétiques pourraient être développées (avec possibilité de développer une méthode d'estimation d'âge ontogénétique des spécimens par tomographie ou lames minces, méthode complémentaire à celles déjà disponibles en squelettochronologie) ainsi que le signal phylogénétique.

## **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

Année 1 : recherche bibliographique, sélection du matériel actuel et fossile, élaboration du plan de recherche. Début d'acquisition CT-Scan des données actuelles et segmentation 3D. Réflexion sur les méthodes à envisager (mesures, analyses multivariées, analyse en éléments finis...). Année 2 : Suite et fin de l'acquisition CT-Scan des spécimens actuels et fossiles. Segmentation 3D, caractérisation biomécanique des os. Analyse/Interprétation. Rédaction d'articles. Année 3 : Suite et fin de l'analyse/interprétations des données et de la rédaction d'articles, qui seront compilés dans le manuscrit de thèse.

## **Profil du candidat recherché**

Paléontologue ou anatomiste, familiarisé avec l'histologie osseuse des tétrapodes, traitement statistique des données, traitement d'image, phylogénie systématique.

## **Convergence de nervation alaire chez les Neuropterida (Insecta): mise en évidence phylogénétique et rôle biomécanique potentiel**

**Equipe :** Phylogénie et diversification des métazoaires

**Directeur de thèse HDR :** Michel LAURIN

**Contact :** laurin@mnhn.fr

**Co-directeur(s):** Ramiro Godoy-Diana , Olivier Béthoux

### **Descriptif du sujet de thèse :**

Etudier l'apparition des convergences est du plus haut intérêt d'un point de vue évolutif, car ce phénomène démontre un certain degré de canalisation des formes. Dans ce domaine l'aile des insectes, de par ses multiples fonctions et son enregistrement fossile abondant, constitue un modèle à fort potentiel. Néanmoins, les convergences potentielles n'ont jamais été explorées en détail, notamment en raison d'un niveau de complexité élevé du modèle. Au sein du groupe des Neuropterida (fourmillions, mégaloptères, etc.) un cas de convergence relativement simple a été suggéré par Shi et al. (2012; partiellement sur la base de matériel fossile [1]) et confirmé par Cousin & Béthoux [2]. Au sein d'au moins trois taxons distincts la nervure MP2, concave, fusionne avec CuA, convexe. Avec MP1 (concave) qui leur est parallèle, ces nervures rectilignes (fusionnées ou non) atteignent le bord de l'aile très distalement. La fusion MP2+CuA pourrait augmenter la rigidité cette axe, qui semble délimiter mécaniquement la zone cambrée distale, qui génère la portance en vol. Les cas de convergence seront testés grâce à une analyse phylogénétique utilisant du matériel actuel et fossile, et des données morphologiques et moléculaires. L'impact mécanique de la fusion sera testé à l'aide de modèles physiques (i.e. réels) inspirés de matériel actuel et fossile et imprimés en trois dimensions. Le montage dynamique permettra notamment de tester le rôle de la fusion sur les contraintes de déformation. Contexte: Les systématiciens font généralement peu de cas des convergences. Elles sont rarement analysées en temps qu'indicateur des contraintes mécaniques qui ont pu canaliser l'évolution de structures biologiques. L'aile des insectes, subissant de multiples contraintes, est un modèle idéal dans cette perspective. Les phylogénies récentes des Neuropterida ont trop peu pris en compte le registre fossile. Dans ce domaine les compétences impliquées dans ce projet (UMR 7207, 7179) sont uniques au niveau international. La modélisation d'ailes d'insectes est soit simpliste, soit extrêmement élaborée mais non comparative. La question évolutive posée sera étudiée à l'aide de modèles physiques sub-réalistes faisant varier un nombre limité de paramètres. L'UMR 7636 se positionne comme leader mondial sur de tels protocoles. Grâce à son approche multi-disciplinaire ce projet abordera une problématique largement inexplorée, viz. les contraintes physiques qui ont canalisé la structure des ailes d'insectes.

## Résultats attendus

L'incorporation des fossiles devrait permettre d'obtenir une phylogénie plus fiable qu'avec les seuls taxons actuels (polarisations et distributions différentes des caractères). Il est très probable que nous montrions ainsi des convergences de fusion des nervures MP2 et CuA au sein des Neuropterida. Ces nervures participent, avec MP1, à un axe oblique délimitant une zone cambrée avec le bord d'attaque de l'aile. Nous anticipons que la fusion de MP2 avec CuA, qui réduit la largeur de l'axe oblique tout en augmentant le contraste de relief entre les nervures, augmente la rigidité de cet axe et donc, la performance aérodynamique. La fabrication de modèles simplifiés permettra d'élucider le rôle des fusions de nervures dans les propriétés des ailes.

## Stratégie de publication

-révision de matériel fossile: 4 à 8 articles,  $1 > IF > 3$ ; - description de matériel actuel (séries comparatives, morphologies rares): 1 à 2 articles,  $1 > IF > 3$  puis soit: - phylogénie des Neuropterida & biomécanique combinées: 1 publication,  $IF > 10$  ou: - phylogénie des Neuropterida: 1 article,  $3 > IF > 8$  - biomécanique: 1 à 2 articles,  $2 > IF > 8$

## Réorientation possible du sujet

La partie risquée de ce projet concerne l'analyse biomécanique (projet MECH). Or la partie systématique (projet SYST) est ambitieuse, et pourra être étendue si nécessaire. En outre des tests préliminaires des modèles (sous-projet MECH1) seront effectués dans les 12 premiers mois de la thèse afin d'obtenir une bonne visibilité.

## Faisabilité du 3 ans (échancier)

Durées des projets et sous-projets (incluant recherche bibliographique et rédaction d'articles): Partie systématique (SYST): 20 mois - révision & description de matériel fossile, collecte & emprunt de matériel actuel, élaboration d'une matrice de données morphologiques (SYST-MORPH): 10 mois - obtention de données moléculaires (SYST-MOL) : 5 mois - analyse phylogénétique (SYST-PHYL): 5 mois Partie biomécanique (MECH): 12 mois - mise au point préliminaire des modèles (MECH1): 3 mois - expérimentations (MECH2): 9 mois Rédaction finale (REDAC): 4 mois Calendrier (\* indique la fin d'un sous-projet): - mois 1 à 6: SYST-MORPH (6 mois) - mois 7 à 12: MECH1 (3 mois\*), SYST-MORPH (2 mois), SYST-MOL (1 mois) - mois 13 à 18: SYST-MORPH (2 mois\*), SYST-MOL (4 mois\*) - mois 19 à 24: SYST-PHYL (3 mois), MECH2 (3 mois) - mois 25 à 30: SYST-PHYL (2 mois)

## Profil du candidat recherché

- Connaissances et expérience dans la récolte, la morphologie et de la systématique du groupe modèle - Expérience dans l'étude de matériel d'insecte fossile - Expérience en analyse phylogénétique - Expérience en modélisation biomécanique

## **Les Strepsirhiniens et les rongeurs du Miocène du Karamoja (Ouganda) : apport aux reconstitutions paléoenvironnementales**

**Equipe :** Paléoécosystèmes : analyse, compréhension, évolution (PACE)

**Directeur de thèse HDR :** Dominique bardet

**Contact :** dominique.gommero@upmc.fr

**Co-directeur(s)** Brigitte SENUT

### **Descriptif du sujet de thèse**

Les niveaux volcano-sédimentaires miocènes du Karamoja étudiés lors de missions de l'Uganda Palaeontology Expedition (UPE-programme de l'UMR 7207) ont livré une faune fossile riche non seulement en nombre, mais aussi en diversité taxonomique dans les gisements de Napak (Miocène inférieur) et de Moroto (Miocène moyen). Ces gisements sont très importants car ils renferment des restes d'hominoïdes non-humains variés dont la taille, la morphologie et les adaptations suggèrent une diversité de niches écologiques. Associés à ces derniers, on trouve notamment des petits primates Strepsirhiniens mais aussi une abondante diversité de rongeurs. Aujourd'hui, l'échantillon récolté de ce nouveau matériel (crânio-dentaire et postcrânien) est suffisant pour permettre l'étude afin de mieux préciser les paléoenvironnements et compléter les travaux paléontologiques sur les grands mammifères et isotopiques en cours. Les Strepsirhiniens et les rongeurs du Miocène inférieur et moyen d'Ouganda sont mal connus, mais leur étude (basée sur l'identification systématique et les différentes adaptations alimentaires et locomotrices) devrait fournir des informations précieuses sur les paléoenvironnements car ils occupent des niches écologiques différentes ou complémentaires de celles des grands mammifères. Parmi les rongeurs, il y a des animaux terrestres, fouisseurs, mais aussi arboricoles comme le montrent deux familles déjà reconnues, Anomaluridae et Paranomaluridae. Il sera donc possible de préciser les diverses adaptations surtout que des squelettes partiels de ces animaux ont été récemment découverts. Les Lorisiformes du Miocène inférieur et moyen semblent assez diversifiés en Afrique de l'Est et appartiendraient aux deux familles actuelles (Lorisiidae et Galagidae) sans qu'on puisse les relier à des taxons modernes. Ils sont considérés comme arboricoles, mais il persiste des incertitudes sur leur écologie (niveau occupé dans le milieu arboricole) et sur leurs comportements alimentaires et locomoteurs. Peu de restes postcrâniens de ces primates étaient connus jusqu'aux découvertes de l'UPE qui montraient que des confusions avaient été précédemment faites avec certains rongeurs par manque de restes squelettiques associés aux craniodentaires. Il s'agira de mettre en évidence les parallèles ou les divergences adaptatives pour préciser les niches probables des groupes considérés. Les données concernant les rongeurs du Miocène inférieur et moyen d'Afrique orientale sont peu nombreuses et généralement anciennes (cf. synthèse sur le Néogène dans Winkler, Denys & Avery, 2010), par comparaison avec l'Afrique septentrionale ou des périodes plus récentes. En ce qui concerne les Lorisiformes, elles sont aussi assez limitées. Le projet est innovant car le matériel est nouveau et concerne des animaux mal connus pour la période représentée. La combinaison de

deux groupes de petits mammifères dont des primates (groupe généralement traité à part) est une des originalités du sujet.

### **Résultats attendus**

- Identifier les Strepsirhiniens mal connus dans le Miocène (parfois confondus avec des rongeurs arboricoles) - Aborder les liens entre Galagidae et Lorisidae miocènes pour mieux comprendre l'origine des familles modernes (les travaux antérieurs américains ne permettent pas de la résoudre). - Compléter la systématique des rongeurs africains miocènes. - Préciser les niches occupées par les micromammifères (fouisseurs, terrestres et arboricoles) - Comparer l'arboricolie entre Strepsirhiniens et rongeurs arboricoles. - Compléter les reconstitutions environnementales du Miocène inférieur et moyen d'Ouganda (souvent réalisées sur les grands mammifères); comparer avec les sites de même âge en Afrique.

### **Stratégie de publication**

Ce travail donnera lieu à plusieurs articles sur les Strepsirhiniens, sur les rongeurs, sur les modalités de la vie arboricole chez des groupes différents, et les données confrontées aux autres travaux sur les faunes. Le doctorant publiera dans des revues de références soit seul, soit en premier auteur. Dès la deuxième année de thèse, un premier article sur la systématique des Strepsirhiniens d'Ouganda devrait voir le jour, et un en préparation sur les rongeurs; puis ensuite, un article sur les comparaisons des adaptations arboricoles entre strepsirhiniens et rongeurs et un sur les paléoenvironnements. Le candidat sera associé aux publications des résultats de terrain de l'UPE.

### **Réorientation possible du sujet**

Du fait de l'étude de deux groupes de mammifères, en cas d'échecs (ce qui ne semble pas envisageable puisque le matériel est original et disponible), le candidat pourra se réorienter vers différentes études. Il pourra, par exemple étendre son étude chronologiquement pour comprendre l'évolution des Strepsirhiniens africains, ou bien étendre les comparaisons des rongeurs miocènes ougandais avec ceux d'autres régions de l'Afrique (notamment la Namibie, où l'équipe entreprend des recherches dans le Miocène depuis plus de 20 ans et certains matériels doivent encore être étudiés).

### **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

Une grande part des fossiles (dégagés) est à Paris, prête à l'étude. - la première année sera consacrée aux recherches bibliographiques, aux comparaisons avec l'actuel et au début de l'étude du matériel fossile. - pendant la deuxième année, il s'agira de continuer l'étude du matériel fossile, éventuellement compléter les comparaisons actuelles. Début de l'analyse des données et des interprétations environnementales. Rédaction d'une première publication. - troisième année/6 premiers mois : fin des analyses des données et des interprétations environnementales. Rédaction d'un

second article et plan de thèse. - troisième année/6 derniers mois : Rédaction du mémoire de thèse.

### **Profil du candidat recherché**

Le candidat devra au préalable avoir des connaissances en paléoprimateologie mais également une expérience dans l'étude des rongeurs (connaissances en anatomie dentaire par exemple). Il/Elle devra avoir eu une expérience dans la synthèse des résultats concernant l'anatomie du squelette cranio-dentaire et/ou postcrânien en lien avec des adaptations biologiques et fonctionnelles permettant des interprétations paléoenvironnementales.

## **Évolution des mammouths laineux : apports de la paléogénomique comparative**

**Equipe :** Phylogénie et diversification des métazoaires

**Directeur de thèse HDR :** Véronique BARRIEL

**Contact :** [barriel@mnhn.fr](mailto:barriel@mnhn.fr)

**Co-directeur(s) :** Régis DEBRUYNE

### **Descriptif du sujet de thèse**

L'étude de l'évolution des mammouths au sein des éléphantidés accompagne les progrès de la paléogénétique depuis 20 ans. En 2015, deux équipes indépendantes ont achevé le séquençage du génome nucléaire complet du mammouth, ouvrant la voie à de nouvelles analyses comparatives. En effet, les études à large échelle spatio-temporelle, à partir de données mitochondriales offrent une image tronquée de la diversité génétique des populations, et ne permettent pas l'étude des relations entre les mammouths béringiens tel qu'il est documenté par les archives paléontologiques. L'objectif de cette thèse est donc l'étude de la structuration du génome nucléaire de plusieurs populations hétérochrones de mammouths au cours du Pléistocène supérieur en relation avec le changement climatique et leur extinction il y a 4 000 ans. Ce sujet est rendu possible par la disponibilité immédiate de 24 mammouths (SSM, MNHN) et de plus de 800 restes d'individus du permafrost béringien (collection MAMMUTHUS) dont R. Debruyne a obtenu la responsabilité pour des analyses moléculaires. Plus de 200 spécimens de cet échantillon ont déjà été datés et permettent d'identifier des lots de mammouths quasi-contemporains stratifiés entre 10 000 et 50 000 BP, en particulier pour la région de la péninsule du Taïmyr. Les spécimens seront analysés par une approche novatrice de capture par hybridation de marqueurs 'RAD' adaptée aux ADNs anciens (hyRAD). Des données de génomique seront également analysées dans le cadre d'une analyse comparative fonctionnelle intégrant les 2 lignées d'éléphants (40 spécimens, SSM) pour identifier les régions du génome ayant conservé des traces d'effets de sélection (approche gène candidat et distribution des polymorphismes) afin de proposer des hypothèses quant à la singularité écologique et morphologique (divergence phénotypique) des mammouths laineux par rapport à leurs cousins éléphantins. Au niveau international, la majorité des efforts actuels sont conduits par deux équipes : l'Ancient DNA Centre (McMaster University, Canada) qui porte un intérêt particulier aux populations de mammouths d'Amérique du Nord et le Centre de Géogénétique de Copenhague (Danemark), dont les travaux actuels se focalisent sur la génomique et l'épigénomique complète du mammouth. Il existe donc une réelle opportunité, de par la disponibilité du matériel (grâce à une participation depuis 2002 au consortium MAMMUTHUS en Sibérie), et le calendrier du projet, à la réalisation de ce sujet. Des collaborations avec ces deux équipes sont envisagées, notamment pour l'aspect épigénomique.

## **Résultats attendus**

Le projet repose sur des développements innovants en paléogénomique comparative et sur l'analyse de données moléculaires en lien avec le cadre évolutif esquissé par les travaux paléontologiques, en particulier la diversité des mammouths en Béringie et leur extinction à la fin du Pléistocène.

## **Stratégie de publication**

Les champs d'étude constitueront deux pôles de publication. - au moins une publication sur l'évolution de la diversité génétique nucléaire des mammouths à travers l'espace et le temps ; - une publication technique en relation avec le développement d'outils expérimentaux innovants ; - une publication concernant l'identification des régions soumises à sélection dans le génome nucléaire du mammouth et les hypothèses fonctionnelles potentielles.

## **Réorientation possible du sujet**

En cas de difficulté ou d'imprévu sur le sujet de paléogénomique comparative, un volet indépendant d'épipaléogénomique ciblée pourra être envisagé sur des échantillons disponibles issus de la dissection par R.D. en 2010 du mammoutheau Khroma.

## **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

Année 1. Semestre 1 : mise au point du protocole hyRAD sur les échantillons d'éléphants et de mammouths disponibles. Semestre 2 : rédaction d'une publication technique et récupération des échantillons de la collection MAMMUTHUS (Khatanga, Sibérie). Année 2. Semestre 1 : sous-échantillonnage et préparation de ~200 banques génomiques de mammouths et capture hyRAD associée. Semestre 2 : analyse structurale des données de génomique, rédaction de l'article associé. Année 3. Réalisation des analyses de génomique fonctionnelle (si le temps le permet, rédaction associée) et rédaction du manuscrit final.

## **Profil du candidat recherché**

Le candidat devra maîtriser les approches de biologie moléculaire et avoir un intérêt prononcé pour la discipline paléogénomique. Il devra également être familier des approches d'analyse de jeux de données génomiques issus des nouvelles technologies de séquençage.

## **Adaptation de la morphologie foliaire aux contraintes environnementales à travers les collections d'herbiers : application aux assemblages fossiles**

**Equipe** : Paléoécosystèmes : analyse, compréhension, évolution (PACE)

**Directeur de thèse HDR** : Dario De Franceschi

**Contact** : dariodf@mnhn.fr

**Co-directeur(s)** : Anaïs BOURA

### **Descriptif du sujet de thèse**

Les types de feuillages des formations végétales à la surface du globe reflètent étroitement les conditions climatiques du milieu. Cet ajustement morphologique foliaire est analysé depuis la fin du XX<sup>ème</sup> siècle, par des méthodes statistiques, notamment pour la restitution des climats du passé. Ces travaux ont abouti à la mise en place de méthodes de reconstitutions paléoclimatiques à partir des macrorestes foliaires (Climate Leaf Analysis Multivariate Programm – CLAMP -, Leaf Margin Analysis – LMA-, Leaf area – LA-) qui sont à l'heure actuelle couramment utilisées. Les données climatiques du passé sont en effet cruciales pour la compréhension des modifications climatiques actuelles et leurs conséquences. Aujourd'hui, les grands herbiers comme celui du MNHN, bénéficient de campagnes de numérisation les transformant en de véritables outils scientifiques de premier ordre pour l'exploration, entre autres, de cette adaptation foliaire aux conditions environnementales. Les herbiers portent ainsi aujourd'hui des milliers de données disponibles, prêtes à être utilisées et les outils pour l'analyse des scans sur l'ensemble des herbiers de France sont développés ou en développement notamment par le groupe E-ReColNat. Ces données concernent la flore mondiale et jamais nous n'avons connu une situation aussi favorable à l'exploitation d'une telle masse de données sur des spécimens collectés depuis maintenant plusieurs siècles. L'utilisation des scans d'herbiers via le site « science » du MNHN et son prolongement dans le projet E-ReColNat regroupant plusieurs herbiers en France servira de point de départ à l'acquisition de caractères morphologiques foliaires dans plusieurs genres de plusieurs familles (Lauraceae, Corylaceae, Salicaceae, Vitaceae, Rhamnaceae, Araliaceae, etc. ) principalement à l'aide de logiciels de traitement d'images puis à l'analyses statistiques de ces caractères morphologiques en relation avec les données météorologiques des sites de récolte des spécimens. Les résultats attendus devraient nous révéler des tendances, par famille, par genre et par espèces de l'ajustement adaptatif du feuillage aux conditions climatiques. Le transfert de ces connaissances nouvelles à de nombreux assemblages fossiles sur divers sites français datés du Paléocène au Miocène (Menat, Sézanne, Bassin de Paris, d'Aix-en-Provence, d'Alès, Saint Bauzile) et dans lesquels de nombreux spécimens appartiennent aux familles mentionnées plus haut, devrait permettre une meilleure interprétation des analyses réalisées usuellement (CLAMP, LMA, LA) et d'en affiner les résultats. A terme, l'analyse de ces gisements permettra d'obtenir un enregistrement précis de l'évolution climatique continentale au cours du Cénozoïque en France. À l'échelle française, le MNHN par

son infrastructure et les bases de données hébergées est le lieu idéal pour réaliser ce type d'étude sur les collections actuelles et fossiles.

### **Résultats attendus**

1- Les premiers résultats concerneront la compréhension des variations morphologiques au sein des familles modèles actuelles. L'analyse des grandes tendances adaptatives aboutira à des interprétations qui seront à traiter en collaboration avec des spécialistes en écophysiologie. 2 - La morphologie foliaire des spécimens des gisements fossilifères sera ensuite explorée et analysée dans un but de reconstructions paléoclimatiques et paléoenvironnementales en utilisant les méthodes classiques. 3 - Ces résultats obtenus grâce au matériel fossile seront repris et affinés à l'aide des conclusions obtenues à partir de l'analyse des données des herbiers genres par genres.

### **Stratégie de publication**

La première publication devrait concerner les variations morphologiques dans les différentes familles d'Angiospermes explorées et leur caractère adaptatif en termes de réponse au climat. La (ou les) publication(s) suivantes présentera (ont) les résultats des reconstitutions paléoclimatiques soit par gisement, soit par groupe de gisements (mêmes niveaux dans des régions différentes). Enfin une dernière étape de ce travail qui devrait faire l'objet d'une publication consistera à replacer les résultats de l'évolution climatique enregistrée pour la France dans un contexte plus global.

### **Réorientation possible du sujet**

La comparaison morphométrique du limbe foliaire sur herbier est réalisable à partir des images stockées dans les serveurs du MNHN. Le choix des feuilles à mesurer sera effectué en fonction de la stratégie d'échantillonnage adaptée et discutée en début de projet en considérant l'ensemble des biais possibles. Les reconstitutions paléoclimatiques classiques ont rarement été appliquées aux grands assemblages de feuilles fossiles des collections du MNHN. Elles seront parfaitement envisageables seules, si la première partie ne livre pas de résultat probant. L'acquisition de données sur l'évolution climatique au cours du Cénozoïque constitue à elle seule un projet intéressant et riche.

### **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

Année 1 : Travail bibliographique sur la variabilité foliaire. Exploration du matériel actuel et fossile potentiel et choix des familles, genres et espèces ainsi que des gisements à analyser. Acquisition des données sur le matériel d'herbier et analyses statistiques. Année 2 : Travail bibliographique sur les méthodes de reconstitutions paléoclimatiques utilisées en paléobotanique. Acquisition des données sur le matériel paléontologique et analyse statistique. Année 3 : Mise en parallèle des jeux de données actuels et fossiles et affinage des résultats et des méthodes. Rédaction.

## **Profil du candidat recherché**

Le candidat devra démontrer de bonnes connaissances en botanique (analyse morphologique), paléobotanique et écologie végétale. Une maîtrise des méthodes de reconstitution paléoclimatiques et paléo-environnementales serait un point positif. Le candidat devra également présenter une solide expérience dans l'analyse et la gestion des bases de données et en analyse statistique.

## **UMR 7206 – Eco-Anthropologie et Ethnobiologie**

# **Etude par modélisation de la sélection polygénique et application à la transition néolithique chez l'Homme**

**Equipe :** Anthropologie Evolutive

**Directeur de thèse HDR** Frédéric AUSTERLITZ

**Contact :** austerlitz@mnhn.fr

**Co-directeur(s) :** Laure Ségurel

## **Descriptif du sujet de thèse**

L'étude de l'adaptation des espèces à leur environnement est une question centrale en biologie évolutive. De nombreux tests statistiques ont précédemment été développés afin de détecter dans les données génétiques diverses signatures de sélection naturelle, majoritairement dans le cadre d'un déterminisme génétique simple (monogénique) des caractères sous sélection. Cependant de nombreux caractères, notamment ceux liés à des fonctions métaboliques ou immunologiques, sont multifactoriels : ils sont codés par plusieurs gènes ayant des effets plus ou moins forts sur le caractère. Ces gènes peuvent interagir de manière complexe, par exemple dans le cadre de réseaux de gènes. L'objectif de cette thèse est i) de développer un outil de simulation permettant de prédire de manière aussi réaliste que possible l'évolution de ce type de gènes dans différents contextes de sélection et sous différents modèles démographiques, ii) de développer des tests plus robustes aux signatures de sélection polygénique, basés sur le déséquilibre de liaison, et d'étudier les propriétés de ces tests par rapport aux approches classiques de détection de sélection sur les données simulées, et iii) d'appliquer ces tests à des données de puces à ADN, d'exomes ou de séquençage complet issues du laboratoire (déjà publiées ou non) et de bases de données publiques, pour mettre en évidence des exemples concrets d'adaptation génétique des populations humaines à leur environnement. L'objectif de cette analyse de données sera d'étudier l'impact de la transition néolithique (le passage d'un mode de vie chasseur-cueilleur nomade à des modes de production alimentaire sédentarisés ou semi-nomades il y a environ 10 000 ans) sur les populations contemporaines de chasseur-cueilleurs, d'éleveurs et d'agriculteurs en Afrique Centrale et en Asie Centrale. Chez l'Homme, cette transition représente une période clef qui a profondément modifié les contraintes adaptatives des populations humaines, tout particulièrement en termes de contraintes alimentaires et infectieuses. Les objectifs sont à la fois d'identifier les régions du génome sous contraintes adaptatives du fait de la transition néolithique, mais également de déterminer dans quelle mesure les tests existants et les tests nouvellement développés permettent de détecter un large spectre de pressions sélectives.

## **Résultats attendus**

Un outil de simulation d'évolution des caractères complexes dans des populations avec une démographie complexe (événements de migration, changements d'effectif, etc.). Cet outil permettra d'étudier l'évolution des gènes impliqués dans les caractères

sous sélection et de valider les tests de sélection existant ou nouvellement développés. - Nouveaux tests de sélections basés sur le déséquilibre de liaison, plus performants pour détecter de la sélection sur des traits complexes (polygéniques). Ces tests pourront être appliqués sur n'importe quelle espèce. - Inférence de sélection naturelle post-néolithique chez l'Homme. La comparaison des signatures de sélection dans des populations aux modes de vies contrastés permettra d'identifier les gènes et fonctions impliqués dans l'adaptation aux régimes alimentaires et aux pressions pathogéniques

### **Stratégie de publication**

Article 1 : Etude par simulation de l'action sur le génotype de la sélection sur des caractères multifactoriels Article 2 : Développement et validation de nouveaux tests et comparaison avec des tests existants sur les données simulées. Article 3 - Analyse de données génomiques humaines (cet article pourra être scindé en deux, en fonction des résultats, par exemple en séparant les données de puce à ADN des données d'exomes ou de génomes complets).

### **Réorientation possible du sujet**

L'approche par simulation nous paraît de nature à fournir nécessairement des résultats à interpréter. - Le sujet nous paraît relativement balisé étant donné que les données sont disponibles. Si les nouveaux tests ne sont pas plus efficaces que les tests déjà existants, l'étudiant se focalisera sur l'analyse de données qui peut être effectuée de manière plus ou moins poussée, notamment en incorporant plus ou moins de données venant de base de données publiques.

### **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

La faisabilité du projet nous paraît assurée de par l'existence au laboratoire des données génétiques. Les encadrants et leurs proches collaborateurs possèdent une longue expérience sur la modélisation en génétique des populations, l'analyse des données de génotypage et séquençage haut-débit et la détection de la sélection. Année 1. Développement du programme de simulation et rédaction de l'article 1. Année 2. Développement d'un nouveau test et analyse de l'efficacité des tests sur les données simulées. Rédaction de l'article 2 et début de l'analyse sur les données réelles. Année 3. Suite de l'analyse des données réelles et rédaction de l'article 3. Rédaction de l'introduction et de la conclusion du manuscrit de thèse.

### **Profil du candidat recherché**

Le candidat/La candidate doit avoir suivi une formation en génétique des populations et en statistique, et avoir de solides bases en programmation et en bio-informatique. Il/Elle doit montrer un intérêt prononcé pour l'étude des populations humaines et leur évolution. Une certaine capacité d'expression orale et écrite en anglais est également requise

## **Analyse métagénomique de restes de canidés de la fin du pléistocène supérieur (-45 000 à -17 000 ans)**

**Equipe** : Anthropologie évolutive

**Directeur de thèse HDR** : Jean-Marc Elalouf

**Contact** : jean-marc.elalouf@mnhn.fr

### **Descriptif du sujet de thèse**

Le sujet vise à étudier, au moyen du séquençage à grande échelle de l'ADN, les restes de faune de gisements pléistocènes occupés par l'Homme et les canidés. Deux canidés seront étudiés : le loup (*Canis lupus*), espèce dont est issu le chien domestique, et le dhole (*Cuon alpinus*), qui disparaît en Europe à la fin du pléistocène. Les sites sont situés dans le sud-ouest de la France. Ils couvrent la période -45 000 à -17 000 ans, et ont été occupés par Neandertal (Grotte du Noisetier) ou *Homo sapiens* durant le Gravettien (Grotte Malvidier) ou le Magdalénien (Igue du Gral). Afin de caractériser le génome et l'alimentation des canidés, des ossements ainsi que des excréments fossiles (coprolithes) seront analysés. Pour le loup, les données disponibles sur des spécimens anciens concernent plusieurs génomes mitochondriaux et un génome nucléaire partiel. Elles montrent une diversité génétique importante des spécimens pléistocènes, et que le chien est issu de lignée(s) aujourd'hui éteinte(s) qui vivaient il y a plus de 18 000 ans (1, 2). L'objectif de la thèse sera d'établir la position phylogénétique des spécimens de nos sites, en particulier le morphotype récemment décrit *Canis lupus maximus* (3) pour lequel aucune donnée génétique n'est disponible. Une dizaine de spécimens seront criblés afin d'obtenir des génomes mitochondriaux partiels ou complets, et celui où l'ADN est le mieux préservé sera séquençé de façon plus approfondie pour analyser le génome nucléaire. Concernant le dhole, des ossements mais surtout des fragments de coprolithes attribués à cette espèce seront étudiés afin d'obtenir des informations directes sur son alimentation et d'établir son rôle dans les caractéristiques des sites (intervention dans l'accumulation des vestiges osseux). Le projet permettra d'obtenir les premières données génétiques sur des spécimens pléistocènes de dhole. Les analyses vont être effectuées par séquençage global (métagénomique), méthode que nous avons déjà appliquée avec succès à des coprolithes et des ossements pléistocènes (4, 5). Des datations radiocarbone seront réalisées dans le cadre de collaborations. Les échantillons ont tous été collectés et plusieurs sont disponibles au laboratoire. Ceci nous a permis de vérifier au moyen d'analyses exploratoires par PCR la préservation de l'ADN ancien dans deux sites (Grotte Malvidier, Igue du Gral). Le sujet de thèse est adossé à un projet Labex (Terre d'Hommes, Terre de Canidés ; porteurs : M. Boudadi-Maligne et J.-B. Mallye, Université Bordeaux I) dont nous sommes partenaires. Les autres partenaires réalisent l'analyse archéozoologique des restes fauniques afin d'établir le statut des canidés dans ces sites (compétiteur de l'homme, commensal, animal de bouche). 1) Thalmann O et al. (2013) *Science* 342 : 871 2) Skoglund P et al. (2015) *Current Biol.* 25: 1 3) Boudadi-Maligne M (2012) *C. R. Palevol* 11 :475 4) Bon C et al. (2012) *Proc. Biol. Sci.* 279:2825 5) Marsolier-Kergoat MC et al. (2015) *PLoS One* 10:e0128267

## **Résultats attendus**

Les études sur le loup vont fournir des données génétiques sur de nouveaux spécimens de la fin du pléistocène, datant d'une période (-27 000 à - 17 000 ans) où les lignées dont sont issus les loups et chiens actuels pourraient avoir déjà divergé. La position phylogénétique de la lignée *Canis lupus maximus*, pour laquelle on ne dispose que de données paléontologiques, sera établie. Les études sur le dhole fourniront les premières données génétiques sur des spécimens Pléistocène de cette espèce, aujourd'hui éteinte en Europe. L'analyse de l'ADN de coprolithes permettra une caractérisation de son alimentation et du paléoenvironnement.

## **Stratégie de publication**

Les études sur le loup et le dhole seront publiées séparément. Deux publications au moins sont donc envisagées dans des revues internationales à comité de lecture. Une contribution à des ouvrages (monographie des sites étudiés) est également prévue.

## **Réorientation possible du sujet**

L'ADN est généralement mieux préservé dans les coprolithes que dans les ossements : tous les sites pléistocènes analysés par l'équipe (une dizaine) ont livré des coprolithes permettant une analyse par séquençage massif. Si la teneur en ADN ancien des ossements est faible, l'analyse de coprolithes sera privilégiée. Par ailleurs pour le loup, nous avons accès à d'autres sites de la même période via nos partenaires du Labex Terre d'Hommes, Terre de Canidés.

## **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

1ère année : extraction de l'ADN, sélection des meilleurs échantillons (PCR quantitative), construction de banques de fragments pour séquençage massif (méthode Illumina). 2ème année : séquençage des banques de fragments (collaboration avec le Génoscope), analyse des données (alignement des lectures sur des génomes de référence, reconstitution des génomes mitochondriaux, analyse des fragments de génomes nucléaires, construction des arbres phylogénétiques). 3ème année : participation du doctorant à des congrès, rédaction d'articles et du manuscrit de Thèse.

## **Profil du candidat recherché**

- Formation en Biologie Moléculaire. Une expérience dans l'analyse de traces d'acides nucléiques est fortement recommandée. - Capacité à utiliser les bases de données et les logiciels d'analyse de séquences d'acides nucléiques.

## **Des plantes cultivées dans le régime alimentaires des chimpanzés sauvages en milieu anthropisé : risques et bénéfices**

**Equipe** : Primates et environnements actuels

**Directeur de thèse HDR** : Sabrina KRIEF

**Contact** : krief@mnhn.fr

### **Descriptif du sujet de thèse**

Selon des données palynologiques obtenues en Ouganda, les premiers signes de défrichage pour l'agriculture en Afrique datent de 4 800 ans. Il est probable que depuis des millénaires, les animaux sauvages consomment des aliments cultivés et que les agriculteurs chassent les animaux qui pillent leurs cultures, traduisant une adaptation réciproque du régime alimentaire à ce type d'agriculture en milieu forestier. Cependant, l'emprise des terres agricoles sur les forêts connaît récemment une forte expansion induisant une amplification du conflit homme-animal avec des conséquences économiques pour les villageois et des menaces majeures pour les espèces menacées. Alors que certains agriculteurs rapportent que les pillages sont moins fréquents lorsque les ressources forestières sont abondantes, d'autres études suggèrent que des aliments appétents attirent la faune sauvage même hors période de disette. Les primates- et tout particulièrement les chimpanzés- sont de bons modèles d'étude car la diversité de leur régime alimentaire est connue au cœur de forêts matures. Ils font également partie, dans certains sites, des espèces responsables de déprédations fréquentes et significatives et sont menacés de disparaître dans un futur proche. Dans le parc national de Kibale, à l'ouest de l'Ouganda, certaines communautés de chimpanzés vivent au cœur du parc alors que d'autres ont accès à des lisières cultivées. Sur le site de Sebitoli étudié par notre équipe, bien que plus de 70% de la forêt soit dégradée, la densité de chimpanzés est parmi les plus élevées au monde. Est-ce la consommation d'aliments cultivés autour de leur domaine vital qui explique l'abondance des chimpanzés? À quels risques les chimpanzés s'exposent-ils en pillant et la situation est-elle durable sachant que 30% d'entre eux souffrent de mutilations dues aux pièges et 10% de malformations faciales probablement liées à l'usage d'intrants chimiques agricoles ? Nous proposons d'évaluer dans ce groupe d'environ 100 chimpanzés (1) les apports énergétiques issus d'aliments sauvages et cultivés et (2) les dépenses énergétiques, grâce à un suivi géographique et comportemental individuel dit « de nid à nid » et à des pièges-vidéos posés dans les champs. Ces données seront analysées en fonction de la disponibilité spatio-temporelle des aliments cultivés et forestiers (phénologie réalisée par l'équipe), de leur qualité nutritionnelle (analyse de la plupart des aliments déjà disponible) et des besoins des chimpanzés (en fonction de l'âge, du sexe, des besoins physiologiques, des mutilations). Ces données seront étudiées en regard des données ethnographiques sur le pillage des cultures et des paramètres démographiques et sanitaires collectés sur les 7 années d'étude afin d'évaluer les bénéfices et les risques induits par ces consommations (piégeage, collision avec des véhicules, zoonoses, pollution environnementale...).

## **Résultats attendus**

La quantification de la part de l'alimentation d'origine domestique des chimpanzés de Sebitoli, des déplacements induits pour se les procurer (parfois plus de 15 km/jour en zone montagneuse) est indispensable pour mieux évaluer 1) comment les chimpanzés font usage de ces ressources malgré les risques associés, 2) les doses de pesticides ingérées et leurs rôles dans les malformations faciales et les troubles de la reproduction qui touchent ce groupe de chimpanzés. Les résultats doivent également permettre de proposer une gestion plus cohérente des zones de forêts dégradées (habitat dominant et menacé mais abritant une forte biodiversité), des lisières de parc en terme d'espèces mises en culture, de méthodes de protection contre la déprédation et de traitements chimiques employés.

## **Stratégie de publication**

Ces résultats pourront être publiés dans des revues indexées d'écologie, primatologie, de conservation (gestion de la faune sauvage/des aires protégées), de SHS mais également dans des revues généralistes.

## **Réorientation possible du sujet**

Des données de long terme sur le comportement des chimpanzés de Sebitoli, la phénologie de la zone, les calendriers des cultures et des vidéos posées aux lisières de la forêt enregistrant les primates pilleurs sont déjà disponibles et pourraient être exploitées en cas d'épidémie (type FH Ebola) ou de troubles géopolitiques locaux. Des données et des échantillons de plantes, d'urines ou de selles (si les mesures sanitaires le permettent) peuvent être collectés et envoyées par les assistants de terrain ougandais qui sont présents en continu sur le site de recherche (MoU Mnhn/Makerere Univ/Uganda Wildlife Authority jusqu'en 2022).

## **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

Années 1 & 2 : Recherche bibliographique et préparation du protocole: 4 mois ; missions de terrain de 2 \* 3 mois pour suivi spatial et comportemental des chimpanzés, mise en place du travail avec les agriculteurs pour relevé des calendriers de cultures et pose des pièges-caméras , analyses des données. Participation à des congrès nationaux et internationaux Année 3 : mission de restitution (3 semaines), rédaction des articles et du manuscrit de thèse Participation à des congrès nationaux et internationaux

## **Profil du candidat recherché**

Etudiant en écologie avec si possible une formation en SHS et une pratique des entretiens. Connaissances des enjeux de conservation et des grands singes appréciées. Anglais lu et parlé Bonne condition physique (marche en forêt d'altitude)

## **Etude paléogénétique des migrations humaines autour de la Mer Caspienne pendant la Protohistoire**

**Equipe :** Anthropologie Evolutive

**Directeur de thèse HDR :** Marie-Claude Marsolier-Kergoat

**Contact :** marie-claude.kergoat@cea.fr

**Co-directeur(s) :** Céline BON

### **Descriptif du sujet de thèse**

Cette thèse a pour but d'étudier les flux de populations entre le nord et le sud de l'Asie Centrale afin de comprendre comment l'extrême diversité biologique et culturelle qui caractérise aujourd'hui cette région s'est mise en place. L'utilisation de données d'ADN ancien en Europe pour reconstituer l'histoire démographique des populations a permis de retracer les deux vagues migratoires, au début et à la fin du Néolithique (Skoglund et al. 2012, 2014, Gamba et al. 2014, Lazaridis et al. 2014, Allentoft et al. 2015, Haak et al. 2014). En particulier, à la fin du Néolithique, des populations des steppes (Yamnaya) ont irradié vers l'ouest de l'Europe et l'est de l'Asie. Nous testerons lors de cette thèse si des migrations de ces populations se sont également produites vers le sud de l'Eurasie. Nous nous focaliserons sur les événements qui se sont déroulés pendant le Néolithique et la Protohistoire, autour de la Mer Caspienne (Azerbaïdjan, Turkménistan, Ouzbékistan et Iran). Sept sites archéologiques ont été sélectionnés car ils montrent entre le Néolithique et l'Âge du Bronze ou l'Âge du Bronze et l'Âge du Fer des changements archéologiques et culturels majeurs, qui pourraient être dus à l'influence des peuples des steppes : modification des types de poterie, des pratiques funéraires, absence d'objets de prestige. L'étude de l'ADN ancien, à la fois mitochondrial et nucléaire, de restes humains provenant d'au moins deux périodes considérées dans chaque site permettra de montrer si ces transitions culturelles sont associées à des migrations de populations et, le cas échéant, de quantifier l'importance de ces flux de gènes. L'échantillonnage a été réalisé en collaboration avec des archéologues spécialistes de cette région (J. Bendezu-Sarmiento ; B. Lyonnet). Par ailleurs, cette thèse inclura la collection Sialk, de la Collection d'Anthropologie du Musée de l'Homme. Au final, nous sommes en mesure d'échantillonner sur un corpus de 250 restes humains. Le doctorant sera responsable des étapes de biologie moléculaire, qui se dérouleront dans la salle blanche de la Plateforme de paléogénomique et génétique moléculaire du MNHN, et de l'analyse bioinformatique des séquences obtenues. Le doctorant sera intégré au sein du laboratoire d'Ecoanthropologie et d'Ethnobiologie dont l'équipe d'Anthropologie Evolutive a une expertise dans l'étude de la diversité génétique des populations actuelles d'Asie Centrale et possède une vaste base de données génétique à la fois mitochondriales et nucléaires de plusieurs centaines d'individus provenant de plusieurs populations de cette région qui pourront servir de base de référence moderne. En parallèle de ces travaux de génétique, des analyses isotopiques (en collaboration avec M. Mashkour et E. Dufour) et morphométriques (en collaboration

avec M. Friess) seront réalisées sur les mêmes échantillons afin d'aboutir à une caractérisation complète des échantillons.

### **Résultats attendus**

Les produits de cette thèse sont de 3 types : (1) Analyse des données mitochondrial : nous espérons obtenir l'haplotype mitochondrial du plus grand nombre d'échantillon afin de tester si une discontinuité maternelle est observable entre les différentes périodes. (2) Analyse des données nucléaires : nous chercherons à obtenir des génomes partiels ou complets (en fonction de la qualité de l'ADN) pour un échantillon par site et par période considérée (soit 14 échantillons) (3) Etude démographique effectuées à partir des données nucléaires et mitochondriales afin de reconstituer l'histoire de ces populations

### **Stratégie de publication**

Nous envisageons deux publications : - portant sur les séquences mitochondriales obtenues pour des échantillons de différents sites et de différentes périodes. Continuité et discontinuité génétique maternelle, et comparaison avec les données modernes. Nous visons un journal intéressé dans la génétique et l'évolution de l'Homme, tel que European Journal of Human Genetic. - portant sur les séquences nucléaires obtenues pour quelques échantillons de différentes cultures archéologiques. Continuité et discontinuité génétique nucléaire ; histoire démographique. Cette publication sera proposée à un journal spécialisé dans les sciences de l'évolution et la génétique, type Molecular Biology and Evolution. Les données génétiques pourront aussi être incluses dans des articles à destination des archéologues, avec les données isotopiques (coauteur).

### **Réorientation possible du sujet**

La principale difficulté de ce projet réside dans la conservation de l'ADN ancien, en particulier dans les régions chaudes. Or, des extractions d'ADN ont été menées sur des échantillons de trois sites (Azerbaïdjan, Iran, Turkménistan) réunissant une centaine d'échantillons et ont montré la préservation de l'ADN ancien. Ainsi, l'haplotype mitochondrial peut être déterminé sur 11 des 17 échantillons du site d'Ulug Depe (Turkménistan). En fonction de la qualité de l'ADN ancien sur les autres sites, une analyse plus poussée sera menée sur ces trois sites et l'analyse bioinformatique des séquences obtenues sur ces échantillons sera plus développée.

### **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

Année 1 : Extraction d'ADN, séquençage de la région de contrôle mitochondriale, comparaison de la répartition haplotypique en fonction des cultures et sites archéologiques ; construction des bibliothèques et identification des échantillons cibles pour le séquençage nucléaire. Année 2 : Séquençage nucléaire, alignement sur génome de référence, extraction des variants. Rédaction de l'article portant sur les données

mitochondriales. Année 3 : Analyse descriptive, reconstruction de l'histoire démographique, estimation des flux de gènes entre populations. Rédaction de l'article portant sur les données nucléaires.

### **Profil du candidat recherché**

Le candidat recherché possède à la fois des connaissances en anthropologie biologique, en biologie moléculaire et en bioinformatique car le sujet de thèse est par essence pluridisciplinaire. Une candidate possédant ces différentes compétences a été identifiée et est actuellement en stage de Master 2 au laboratoire.

## **Actualité et portée de la conservation in situ : ethnographie de la convention sur la diversité biologique**

**Equipe** : Ethnoécologie et savoirs locaux

**Directeur de thèse HDR** : Jean-Dominique wahiche

**Contact** : wahiche@mnhn.fr

**Co-directeur(s)** : Nadia Belaidi

### **Descriptif du sujet de thèse**

La conservation in situ est l'un des concepts clef de la convention sur la diversité biologique. C'est autour d'elle que s'orientent les principaux rapports de force. Si l'article 10c fait de la conservation in situ une conservation territorialisée - là où biodiversité et culture coexistent et se complètent dans une vision cosmologique, avec la mise en œuvre de l'article 8j la culture est devenue un savoir mobilisable partout et la biodiversité un ensemble de ressources génétiques appropriables. Le glissement sémantique opéré au fil des négociations de « biodiversité » à « ressources génétiques » ainsi que le positionnement des populations autochtones sur l'article 10c ces dernières années pointent, derrière les enjeux juridiques et politiques de ces articles, des enjeux sociétaux essentiels qui questionnent sur les résultats que la mise en œuvre de la Convention peut atteindre par rapport aux objectifs initiaux. Cerner l'ambition et la portée de la convention sur la diversité biologique permet ainsi de comprendre les évolutions que connaît la protection de la biodiversité. Le sens du protocole de Nagoya, le statut actuel des peuples autochtones et leur reconnaissance dans d'autres cadres – sans que cela mène nécessairement à l'octroi de droits comme l'a montré la négociation de la COP21, trouvent ainsi un éclairage nouveau. Nous interrogerons les finalités de la convention sur la diversité biologique (analyse téléologique) en procédant à une ethnologie juridique afin de décrypter son processus de rédaction ainsi que ses stratégies de mise en œuvre. Nous cherchons ici à élaborer une ethnographie de la convention sur la question de la conservation in situ, là où il n'existe que des ethnographies de ses processus de négociations. L'objectif de cette thèse est de proposer une déconstruction des articles 8j et 10c, dans l'économie générale de la convention (lettre, esprit, contexte), afin de mettre en relief à la fois leurs complémentarités et leurs différences et, ainsi, d'interroger la/les stratégies internationales de conservation de la biodiversité.

### **Résultats attendus**

Le panorama des perceptions et représentations de l'environnement par les acteurs de la gestion de la biodiversité auquel l'étude aboutira, permettra de saisir des enjeux tels que la biopiraterie, la privatisation du vivant ou la question du/des Commun(s)... sous l'angle des valeurs sociales et, ainsi, d'évaluer les évolutions du droit dans le domaine, tant au niveau international que national, du point de vue sociétal. De plus, le MNHN participant aux groupes de travail de la convention sur la diversité biologique

par l'intermédiaire de ses experts, la recherche rencontre l'enjeu interne d'analyse de cet instrument. Enfin, le projet tend à développer une approche d'anthropologie du droit innovante au sein de l'UMR 7206.

### **Stratégie de publication**

Les données récoltées et les analyses réalisées donneront lieu à publications tant dans des revues française que dans des revues de langue anglaise. Sont ciblés en priorités : les cahiers d'anthropologie du droit, la revue Droit et Cultures et le McGill Law Journal. De plus, le doctorant a vocation à rejoindre et à participer à la dynamique du groupe de travail transversal à l'UMR 7206 sur la notion d'autochtonie(s), initié en février 2016, dont les travaux donneront lieu à publication après discussion dans le cadre d'un colloque.

### **Réorientation possible du sujet**

L'ambition de donner un éclairage sur les objectifs et la portée actuelle de la convention sur la diversité biologique, notamment sa qualité d'instrument innovant du droit international, n'est pas sujette à des difficultés qui pourraient nécessiter une réorientation.

### **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

Dans un premier temps (4 mois), le doctorant se focalisera sur l'étude bibliographique, la construction de la problématique et de la méthodologie, l'état de l'art. Après validation par le Comité de thèse, le reste de l'année 1 sera consacré à l'analyse et à l'interprétation des sources textuelles (après récupération des textes, documents et littérature grise - disponible en interne) et l'année 2 à la réalisation des enquêtes auprès des acteurs de la Convention, notamment au cours des sessions de négociations et/ou discussions institutionnelles organisées autour de la convention sur la diversité biologique (COP, réunion de groupes, rencontre d'experts). Les données seront analysées au fur et à mesure afin que l'année 3 soit consacrée à la rédaction d'articles et à la finalisation de la thèse.

### **Profil du candidat recherché**

Formation en anthropologie du droit associée à un cursus en droit international. Une spécialisation en droits de l'homme est un atout. Aptitude à mener des recherches de terrain, maîtrise des techniques d'enquête et de l'anglais (lu et parlé).

## **UMI 3614, Evolutionary Biology and Ecology of Algae**

**REALKELP: "Rôle écologique et évolutif de l'adaptation locale des grandes algues brunes dans le cadre du changement global"**

**REALKELP: "Ecological and evolutionary roles of local adaptation to global change in kelps"**

**Directeur de thèse HDR :** Myriam VALERO

**Contact :** valero@sb-roscoff.fr

**Co-directeur(s) :** Sylvain FAUGERON

**Descriptif du sujet de these**

The limits of habitats a species can occupy are generally difficult to predict, or even to characterise. This is particularly true for species with a wide distribution range, often accompanied by a range of habitats to which the species is acclimated or locally adapted. One critical aspect of local adaptation is the balance between neutral (i.e. genetic drift and gene flow) and selective forces that shape the dynamics of the genetic diversity, and ultimately the outcome of this evolutionary process. Moreover, as a result of local adaptations, gene flow among ecologically divergent habitats may be limited by a reduced fitness of immigrants due to either physiological restrictions in the new habitat or outbreeding depression. This process can even provide positive feedback to the local adaptation by allowing selection to be more efficient. Therefore, to understand how species evolve in their range, local adaptation needs to be investigated by jointly estimating adaptive divergence, gene flow and restrictions to effective dispersal, and genetic drift. The balance between these evolutionary forces is poorly studied in marine taxa, specifically in marine algae, and will constitute the main focus of this thesis. Kelps are key components of cold to temperate coastal ecosystem worldwide. Several studies (including those of the sponsoring team) showed that these marine forests are currently under serious threats and notable shifts of their distribution ranges. To significantly increase our understanding of the dynamics of kelp genetic diversity and its ecological and evolutionary consequences on adaptive processes along their environmentally heterogeneous distribution ranges, this PhD thesis will jointly investigate three key aspects: 1. the pattern of phenotypic differentiation in relation to environmental variance as a way of estimating the efficiency of selective forces in shaping local adaptations. Common garden experiments will quantify the phenotypic differentiation of populations in their response to temperature variation at different life stages. 2. the level of population connectivity across habitats, in order to investigate the interaction between dispersal and reproductive barriers due to habitat divergence. Population genetics approaches will be combined to crossing experiments of populations from different habitats and genetic backgrounds to estimate outbreeding depression. 3. the level of genetic drift, in order to infer restrictions to local adaptation. Measures of the dynamics of genetic diversity using repeated temporal sampling will allow inferences of demographic growth and estimate the effective population size. Two model species (*Laminaria digitata* and *Macrocystis pyrifera*) from two different geographic distributions (Northern Atlantic and Southeastern Pacific, respectively) will

be studied and compared in order to get access to evolutionary processes that are independent from the phylogenetic and geographic contexts.

### **Résultats attendus**

We expect original results on kelp demography through the analysis of spatial and temporal genetic structure and inferences of population growth, the effective population size and the mating system. New measures of life history traits' responses to temperature variability will provide valuable understanding of traits' evolution. Finally, the originality of the approach to connectivity by combining population genetics and crossing experiments will provide fundamental understanding of habitat restrictions to dispersal. Integrating these results will finally provide an original view of how kelps evolve in their geographic range, which in turn will provide valuable contributions to the implementation of management and conservation practices or for breeding strategies in seaweed aquaculture.

### **Stratégie de publication**

We expect to publish at least three papers, one for each of the principal objectives/results listed above: - The comparison of spatial and temporal diversity between species will be submitted to Molecular Ecology or similar journal of population genetics - The importance of inbreeding and outbreeding depression in both species will be submitted in Evolution or some journal of Evolutionary Biology - The difference of temperature response will be submitted in a journal of Marine Ecology In addition, a synthesis on the balance between selective and neutral process of local adaptation in kelps will be submitted in a broad scope journal such as Frontiers in Ecology and the Environment.

### **Réorientation possible du sujet**

Two main reasons for the existence of different alternative re-orientations of the subject: - Two species from two regions will be studied. In case of difficulties in one of the species, we expect the student to focus on the other, with the possibility to deepen the research on that model, only losing the opportunity to develop the comparative study. - A diversity of approaches will be developed, but any difficulty with one of these, or the specific interest of the student may lead a new definition of priorities in the questions to be addressed, without reducing the richness of results and soundness of the scientific conclusions of the thesis.

### **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

All the technics and protocols used in the thesis were optimized and are routinely used in the two teams. Part of the sampling and genotyping was completed (4 sampling dates available for 10 populations for LD : 1998 /2002/2010 /2015; 2 dates for 10 populations of Mp : 2011/2016; 2015 and 2016 samples will be genotyped by the student), and Mp phenotyping will be in progress by the beginning of the PhD thesis. While the crosses will be in progress in Mp, the sampling and crosses will be done by the student for Ld. Crosses and genotyping in Chile: Oct 2016-April 2017. Sampling,

phenotyping, crosses and genotyping in France: May 2017-April 2019. Writing: May-December 2019.

### **Profil du candidat recherché**

Master II level candidate with a solid background in evolutionary biology and a strong interest for conservation genetics. Basic knowledge in population genetics and plant breeding are requested, and an experience in molecular biology or in experimental ecology will be appreciated.

## **UMR 7144 - Adaptation & Diversité en Milieu Marin (AD2M)**

## **Connectivité trophique entre écosystèmes : rôle des accumulations détritiques subtidales et intertidales de laminaires**

**Equipe** : EFEB (Ecogéochimie et Fonctionnement des Ecosystèmes Benthiques)

**Directeur de thèse HDR** : Dominique DAVOULT

**Contact** : davoult@sb-roscoff.fr

**Co-directeur(s)** : Patrick DAUBY

### **Descriptif du sujet de thèse**

Les forêts de laminaires alimentent d'autres écosystèmes en matière organique via la voie détritique et la formation de "hotspots" de productivité secondaire benthique. Ces accumulations sont observées sur certains hauts niveaux d'estran, amenées par les courants et déposées par la marée, ainsi qu'au large, au-dessus des systèmes benthiques connexes ou dans des zones pièges (petits gyres, dépressions rocheuses ou fonds sableux). Avec une production primaire brute de l'ordre de 1 à 2 kgC.m<sup>-2</sup>.an<sup>-1</sup>, les forêts de laminaires font partie des écosystèmes les plus productifs des milieux côtiers tempérés. Parmi les nombreux organismes habitant ces forêts, une majorité utilise les laminaires comme habitat et non comme source de nourriture directe. Les laminaires possèdent notamment des composés phénoliques (phlorotannins) utilisés comme défense contre les herbivores. Seules de rares espèces possèdent l'arsenal enzymatique permettant de consommer directement les laminaires (ex. *Patella pellucida* et *Echinus esculentus*). La plus grande partie de la production primaire est donc exportée via l'érosion des frondes (matière organique particulaire et dissoute) ou le décrochage du thalle entier, lors des tempêtes. Ce dernier est amplifié par la récolte à l'aide du scoubidou pour *Laminaria digitata* (environ 50000 tonnes par an) mais surtout au peigne norvégien pour *Laminaria hyperborea* (environ 20000 tonnes par an, en augmentation), qui provoque une dispersion importante mais non chiffrée d'une partie des pieds décrochés, en Mer d'Iroise et en Baie de Morlaix principalement. Au cours de l'exportation, les bactéries dégradent les composés phénoliques et rendent ces débris consommables par une plus grande diversité d'organismes. L'objectif principal du projet est d'étudier les accumulations issues de l'exportation des laminaires afin d'étudier (1) leur dynamique de dégradation, (2) les caractéristiques de la biocénose macrobenthique associée ainsi que (3) le réseau trophique associé. Ce projet comporte un volet de prélèvements et de mesures en milieu naturel et un volet expérimental.

### **Résultats attendus**

identifier et quantifier les zones d'accumulation - décrire les communautés macrobenthiques associées selon le milieu d'accueil de ces accumulations - caractériser le réseau trophique, son lien avec les laminaires et le comparer aux réseaux trophiques, déjà connus, des communautés associées aux forêts de *L. digitata* et *L. hyperborea* - comprendre, par des expérimentations in situ (sacs à litière), la cinétique de dégradation de ces accumulations - estimer l'intensité de cette dégradation par des mesures respirométriques (chambres benthiques)

## **Stratégie de publication**

sur la dynamique d'accumulation et la description des communautés associées, 2 articles dans des revues internationales d'écologie marine - sur les réseaux trophiques et la cinétique de dégradation, 2 ou 3 articles dans des revues d'écologie générale (comparaison avec les milieux terrestres)

## **Réorientation possible du sujet**

la partie la plus aléatoire du sujet est la localisation d'accumulations permanentes ou au moins saisonnières qui soient d'accès suffisamment facile pour permettre la mise en œuvre de toutes les procédures d'échantillonnage et de mesure in situ - la partie expérimentale in situ et celle sur les accumulations intertidales sont sans risque important - les aspects de caractérisation du réseau trophique sont bien maîtrisés dans les équipes d'accueil (isotopes stables et acides gras) ainsi que les mesures de respiration in situ La réorientation pourrait se faire via un rééquilibrage au bénéfice de l'étude des accumulations intertidales, d'accès facile.

## **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

Année 1. Analyse bibliographique, prospection et délimitation des zones d'accumulation (Parc Naturel Marin d'Iroise et Baie de Morlaix), premier échantillonnage saisonnier (communautés, isotopes et acides gras), mise en place expérimentation in situ de la dégradation (sacs à litière). Année 2. Estimation des échouages sur une portion de côte (drone + mesures terrain), rédaction premier article sur communautés associées, poursuite échantillonnage saisonnier, analyses isotopiques et acides gras. Année 3. Fin des analyses isotopiques et acides gras, analyse globale des données, rédaction d'articles

## **Profil du candidat recherché**

Titulaire d'un master 2 en océanographie biologique ou écologie marine - Bonnes connaissances des processus physico-chimiques en milieu marin (notamment la dynamique des milieux côtiers sous contrainte de marée) - Une expérience avérée sur l'identification des organismes macrobenthiques, si possible de milieu rocheux et/ou associés aux macroalgues - Des bases sur l'utilisation des isotopes stables et des acides gras en écologie marine - Des bases sur l'analyse multivariée des données

## **Rôle de la sélection et de la transposition sur les mécanismes de spéciation chez les invertébrés hydrothermaux**

**Equipe :** ABICE "Adaptation et Biologie des Invertébrés en Conditions Extrêmes"

**Directeur de thèse HDR :** François Lallier

**Contact :** jollivet@sb-roscoff.fr

**Co-directeur(s) :** Eric BONNIVARD, Didier Jollivet (en cours)

### **Descriptif du sujet de thèse**

Mettre en évidence les mécanismes de la spéciation écologique constitue toujours une gageure. En effet, les flux de gènes et la production de phénotypes intermédiaires par recombinaison rendent théoriquement difficile l'isolement reproductif des populations [7]. Celui-ci reste cependant possible si les gènes impliqués et/ou ceux qui conditionnent le choix du partenaire sexuel sont physiquement proches des gènes sélectionnés par l'environnement [8; 9]. Parallèlement, plusieurs modèles relient spéciation et éléments transposables (ETs) [12; 13]. Ces séquences d'ADN, répétées et mobiles, sont des acteurs majeurs de la plasticité du génome des espèces hôtes. La mobilisation de certains ETs peut être induite par des variations de l'environnement [21] ou des hybridations intra ou interspécifiques [22]. Le séquençage 'haut débit' de génomes (e.g. RADseq) constitue un outil particulièrement puissant pour définir le mode de spéciation en comparant les régions du génome présentant une forte divergence génétique (les îlots de divergence) à celles soumises à la sélection positive (îlots d'adaptation) [10; 11]. Ces îlots augmentent en nombre progressivement avec le temps d'isolement des populations et conditionne le degré d'échanges entre les 2 génomes préalablement séparés. Cependant, l'impact de l'environnement génomique (e.g. taux d'évolution, taux de recombinaison, présence d'ETs) et de la sélection diversifiante est encore mal connu. Le milieu hydrothermal profond constitue un laboratoire naturel très intéressant pour tester certains modèles d'évolution et leurs effets sur la spéciation écologique des organismes [5]. C'est un environnement qualifié d'extrême car instable du fait des mouvements tectoniques de la croûte océanique, et hypervariable du fait des fortes fluctuations thermo-chimiques [1; 2]. Ces conditions se traduisent par de profonds bouleversements démographiques au niveau des espèces, avec (i) de nombreuses extinctions/recolonisations, (ii) des stratégies de dispersion favorisant plutôt un modèle d'isolement par la distance et (iii) l'émergence de barrières à la dispersion lorsque la dorsale est interrompue [3; 4]. A cela s'ajoutent des potentialités d'adaptation différentes suivant les champs hydrothermaux selon les conditions thermo-chimiques et/ou la profondeur de la dorsale (e.g. médio-Atlantique, 400-4000 m). L'objectif de la thèse sera de comparer l'action d'un environnement hypervariable et linéaire : le milieu hydrothermal profond sur les génomes, suivant que les espèces évoluent sur une mosaïque d'habitats (sympatrie), un gradient linéaire d'habitats (parapatricie) ou sont simplement isolées par la distance géographique (allopatricie). Le projet de thèse portera donc sur 2 espèces hydrothermales en cours de spéciation, le ver de Pompéi (*Alvinella pompejana*) en situation d'allopatricie et les

moules (*Bathymodiolus azoricus/puteoserpentis*) en situation complexe de parapatrie avec contacts secondaires et hybridation.

### **Résultats attendus**

Un premier objectif de la thèse sera de rechercher s'il existe des îlots de divergence espèce afin de savoir s'ils se distribuent au hasard ou s'ils coïncident avec des régions génomiques sous sélection. Pour cela, nous utiliserons une approche en RADseq sur différentes populations situées le long de la dorsale avec calcul de la statistique du FST, de l'hétérozygotie et du degré de déséquilibre de liaison sur/entre les SNPs repositionnés sur nos génomes et transcriptomes de référence. Le second objectif sera d'effectuer un inventaire large des ETs chez les 2 espèces, de les localiser au sein des génomes, et de définir leur rôle potentiel dans la recombinaison génique et le maintien de régions sous sélection. Il s'agira notamment de déterminer si le polymorphisme d'insertion des ETs reflète ou non la structure actuelle des populations.

### **Stratégie de publication**

Le sujet de thèse devrait pouvoir permettre d'écrire au moins 3 articles. Un premier article permettra de comparer la distribution des îlots de divergence et d'adaptation entre les 2 espèces afin de tester si le mécanisme d'isolement (allopatrie/parapatric) joue un rôle sur l'architecture de la barrière génétique aux flux de gènes. Le deuxième article sera focalisé sur la distribution des éléments transposables sur les 2 génomes et leur dynamique de transposition. Enfin le troisième article s'intéressera plutôt à l'action des éléments transposables sur le taux de recombinaison des gènes hôtes le long du génome et leur rôle éventuel dans la mise en place d'incompatibilités génétiques entre génomes isolés ou dans l'altération des liens physiques entre gènes de l'isolement reproducteur et gènes sous sélection diversifiante.

### **Réorientation possible du sujet**

L'inventaire et la cartographie des éléments transposables ETs sur les génomes de référence ne présentent pas de risque majeur et demandent uniquement de l'analyse bioinformatique sur les génomes déjà acquis et assemblés. L'étude de la distribution des îlots génomiques dépend de l'acquisition de données RADseq et donc de la construction des bibliothèques individuelles indexées. Une partie de ces bibliothèques (A. pompejana) est d'ores et déjà acquise par l'équipe et ne devrait pouvoir être analysée rapidement. Dans le cas où les données seraient insuffisantes pour inventorier ces îlots, un re-séquençage partiel de génomes pourrait être envisagé sur un petit nombre d'individus de part et d'autre de la barrière aux flux de gènes.

### **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

Cette thèse s'intéresse à l'architecture génomique de la spéciation. Les génomes des 2 espèces sont d'ores et déjà assemblés (coord. N. Satoh (OIST, Japon) et A. Claridge-Chang (A\*Star, Singapour)) et disponibles au sein de l'équipe ABICE. Les 2

équipes possèdent un savoir-faire en bioinformatique pour mener ce genre d'études et un accès privilégié à la plateforme ABIMS. Une partie du séquençage en RADseq est déjà disponible chez le polychète *A. pompejana* et en phase de test chez le bivalve *B. azoricus*. Au cours de l'année 1, nous nous proposons d'analyser les données RAD chez *A. pompejana* et d'effectuer une cartographie des ETs sur les 2 génomes. Dans la deuxième année, de préparer les bibliothèques RAD sur les bathymodioles atlantiques et analyser les données et, au cours de l'année 3, d'effectuer l'analyse comparative des 2 génomes.

### **Profil du candidat recherché**

Le (la) candidat(e) recherché(e) devra avoir des connaissances solides dans les sciences de l'évolution et, notamment en génomique de populations et posséder une expérience en biologie moléculaire.

## **Variations à long terme de la diversité fonctionnelle des peuplements benthiques en Manche**

**Equipe** : Diversité et connectivité dans le paysage marin côtier

**Directeur de thèse HDR** : Eric Thiébaud

**Contact** : thiebaut@sb-roscoff.fr

### **Descriptif du sujet de thèse**

Les pressions anthropiques croissantes qui s'exercent sur les zones côtières, combinées au changement climatique, tendent à profondément modifier la structure et la dynamique des écosystèmes marins. Ce constat a amené à une prise de conscience de la nécessité de préserver durablement leur fonctionnement qui s'est traduite par différentes obligations réglementaires. Ainsi, le maintien du bon fonctionnement de ces écosystèmes se retrouve dans différentes directives européennes, de manière explicite (e.g. DCSMM), ou indirectement, à travers la préservation d'éléments structurels qui influencent leur fonctionnement (e.g. DHFF). Les approches traditionnelles mises en œuvre pour évaluer la réponse fonctionnelle des écosystèmes aux pressions naturelles et anthropiques sont indirectes et basées le plus souvent sur les propriétés structurelles des communautés telles que le nombre d'espèces, leur identité ou leurs abondances relatives. Celles-ci considèrent ainsi que le nombre et l'identité des espèces fournissent une mesure de la diversité fonctionnelle bien qu'elles ne prennent pas en compte de manière explicite les traits biologiques qui gouvernent les processus écologiques. Plus récemment, plusieurs auteurs ont proposé différentes métriques qui permettent de mesurer directement la diversité fonctionnelle à partir d'une analyse des traits biologiques des espèces ; ces traits sont des caractéristiques phénotypiques des organismes qui influencent directement les processus. L'analyse de la diversité fonctionnelle par les traits biologiques a été longuement développée au cours des dernières années dans l'étude des peuplements végétaux ou des peuplements de poissons pour aborder différentes questions fondamentales et appliquées en écologie. L'utilisation de cette approche demeure encore balbutiante en écologie marine en dépit d'applications pour évaluer l'impact de quelques activités anthropiques. Plusieurs éléments peuvent être avancés pour expliquer ce retard, en particulier la difficulté d'accès aux données sur les traits biologiques dans les bases de données sur les espèces marines ou le faible nombre d'études conduites à grande échelle spatiale ou à partir de séries à long terme qui permettent de démêler la variabilité naturelle de l'effet des pressions anthropiques. S'appuyant sur l'analyse de données issues de différentes séries temporelles récoltées en baie de Morlaix, le long du littoral breton et en baie de Seine depuis 10 à 40 ans, l'objectif général du sujet de thèse est de comprendre comment s'organise et varie dans l'espace et dans le temps la diversité fonctionnelle de la macrofaune benthique en Manche, et ce afin de mieux comprendre la réponse des écosystèmes aux pressions naturelles et anthropiques. Ce travail sera conduit dans un souci de gestion des environnements côtiers (e.g. définition d'indicateurs fonctionnels ; évaluation de la capacité des écosystèmes à délivrer certains services écosystémiques).

## Résultats attendus

Le projet s'articulera autour de 3 questions principales, méthodologiques ou conceptuelles : • comment varie la mesure de la diversité fonctionnelle par les traits biologiques en fonction des critères retenus pour l'établir ? quelle est la complémentarité des indices de diversité fonctionnelle avec les indices de diversité spécifique ou taxonomique classiquement utilisés ? • quels sont les mécanismes (processus stochastiques, filtre environnemental, interactions biotiques) qui expliquent la distribution des espèces et de la diversité fonctionnelle ? • quelle est la réponse de la diversité fonctionnelle à différentes pressions anthropiques au regard de la variabilité temporelle naturelle de la diversité fonctionnelle?

## Stratégie de publication

Au regard des questions posées et des résultats attendus, un objectif de 4 publications au cours de la thèse apparaît raisonnable : • un papier méthodologique sur les relations entre les différents indicateurs de diversité et la variabilité des mesures de diversité fonctionnelle en fonction des traits et de la nature des données ; • un papier sur les processus structurant la diversité fonctionnelle ; ce papier s'appuiera sur les données acquises le long du littoral breton pour lequel les gradients environnementaux sont les plus prononcés ; • deux papiers sur l'évolution temporelle de la diversité spécifique et de la diversité fonctionnelle à partir de 2 suivis qui permettent de suivre différentes pressions anthropiques à même d'avoir altéré la diversité fonctionnelle (changement climatique, marée noire, espèces exotiques)

## Réorientation possible du sujet

L'ensemble des analyses reposera sur l'exploitation de 3 jeux de données décrivant l'évolution à long terme de la diversité des peuplements de sables fins en Manche et soumis à des pressions diverses. L'essentiel de ces données est actuellement disponible à l'exception de celles de 2016 en Baie de Seine. Une base de données sur les traits est en cours de construction. Le fait que l'essentiel des données brutes nécessaires au bon déroulement de la thèse soit d'ores et déjà disponible rend donc peu risqué le sujet en termes de faisabilité et le risque d'échecs. Une ré-orientation du sujet n'est donc pas envisagée.

## Faisabilité du 3 ans (échancier)

mois 1 à 4 : revue bibliographique et finalisation de la base de données sur les traits biologiques  
mois 5 à 6 : finalisation de l'acquisition des résultats bruts en baie de Seine  
mois 7 à 12 : analyse des liens entre métriques de la diversité en baie de Seine et rédaction d'un premier article  
mois 13 à 18 : analyse des processus structurants la diversité fonctionnelle à l'échelle du littoral breton ;  
mois 19 à 20 : rédaction d'un second article  
mois 21 à 24 : analyse de l'évolution à long terme de la diversité fonctionnelle en baie de Seine  
mois 25 à 26 : rédaction d'un troisième article  
mois 27 à 30 : analyse de l'évolution à long terme de la diversité fonctionnelle en baie de

Morlaix mois 31 à 32 : rédaction d'un quatrième article mois 33 à 36 : rédaction de la thèse; discussion centrée sur le transfert vers la gestion

### **Profil du candidat recherché**

Titulaire d'un master en océanographie biologique/sciences de la mer ou d'un diplôme équivalent, le/la candidat(e) devra montrer un intérêt et des connaissances solides sur l'écologie des systèmes côtiers tempérés et plus particulièrement sur la structure et le fonctionnement des peuplements benthiques. Au niveau des compétences techniques, une connaissance générale des méthodes statistiques d'analyses de la biodiversité marine est vivement souhaitée.

## **Modélisation des mécanismes moléculaires impliqués dans l'adaptation aux changements environnementaux chez *Synechococcus*, un organisme clé du phytoplancton (SyneMod)**

**Equipe :** Procaryotes Phototrophes Marins

**Directeur de thèse HDR :** Laurence Garczarek

**Contact :** laurence.garczarek@sb-roscoff.fr

**Co-directeur(s) :** Damien Eveillard

### **Descriptif du sujet de thèse :**

Les écosystèmes marins influencent fortement les cycles biogéochimiques des éléments, et en particulier le carbone. Une fraction importante de la production primaire océanique est due au picophytoplancton (0,2 à 2-3  $\mu\text{m}$ ), au sein duquel, le genre *Synechococcus* joue un rôle prépondérant, assurant à lui seul près de 16 % de la production globale (Flombaum et al., 2013 PNAS) et constituant un organisme clé de la pompe biologique (Guidi et al., Nature, 2016). De par son abondance in situ, la disponibilité de quelques 350 souches en culture et d'une 50aine de génomes, *Synechococcus* constitue un des organismes du phytoplancton les plus pertinents pour étudier les effets du changement global sur le phytoplancton marin. Dans une étude très récente de l'équipe analysant la distribution globale d'un marqueur phylogénétique très résolutif à partir des données métagénomiques de l'expédition Tara Oceans, nous avons montré que *Synechococcus* présente des 'écotypes' bien distincts occupant des niches écologiques complémentaires, définies sur la base de la température et de la disponibilité en fer et en phosphate (Farrant, et al., en révision pour PNAS). Afin de comprendre l'évolution des populations de *Synechococcus* dans un contexte de changement climatique global, il apparaît donc essentiel d'étudier non pas une seule 'souche modèle' mais les mécanismes moléculaires propres à chacun des écotypes les plus abondants dans le milieu naturel. Le principal objectif de SyneMod sera de développer une approche de biologie des systèmes afin de modéliser les principaux mécanismes d'acclimatation (i.e., physiologique) et d'adaptation (i.e. évolutifs), impliqués dans la réponse différentielle des écotypes de *Synechococcus* à divers facteurs environnementaux. Pour cela, nous utiliserons les 300 transcriptomes qui sont actuellement en cours de séquençage par RNAseq dans le cadre du projet l'ANR SAMOSA à partir de 5 souches représentatives des écotypes dominants de *Synechococcus* dans le milieu marin qui ont été soumises à différents stress (température, forte lumière, UV, etc.). Ces données seront utilisées pour isoler et modéliser les principales voies métaboliques et les réseaux de régulation transcriptionnelle impliqués dans la réponse différentielle des écotypes de *Synechococcus* aux changements de conditions environnementales dans le but d'identifier ceux communs ou spécifiques à chacun des écotypes et/ou des stress considérés. En complément de ces approches sur des souches de laboratoire, l'utilisation des données de méta-omique générées lors des expéditions Tara Oceans, Tara Polar circle et Malaspina, qui collectivement ont exploré plus des deux tiers de l'Océan mondial, permettra de déterminer l'importance de ces réseaux dans

différentes zones océaniques et le rôle joué par les différents écotypes de *Synechococcus* dans la structuration des communautés planctoniques, et ce notamment via l'analyse du potentiel énergétique de chaque écotype dans chacune des zones étudiées.

**Résultats attendus :**

D'un point de vue global, cette étude devrait permettre de mieux expliquer la distribution actuelle des écotypes de *Synechococcus* et de prédire leur adaptabilité respective, et donc leur dynamique et leur distribution future à différentes échelles de temps et d'espace. Les résultats obtenus dans le cadre de cette thèse pourront également être extrapolés à l'ensemble du phytoplancton, la plupart des groupes eucaryotes (dinoflagellés, diatomées, etc) étant sensible aux mêmes facteurs environnementaux. Ce projet permettra ainsi une meilleure appréciation des services écosystémiques offerts par les cyanobactéries marines, et sera donc utile dans un contexte de développement durable et de valorisation des écosystèmes marins, *Synechococcus* constituant un très bon bio-indicateur des changements globaux affectant le phytoplancton marin.

**Stratégie de publication :**

Ce projet ambitieux et novateur utilisera des techniques de pointe en modélisation et bioinformatique, appliquées à un modèle marin d'importance écologique majeure qui peuvent assez facilement être valorisées sous forme de publications. L'équipe a en effet l'habitude de valoriser ses résultats par des publications dans des journaux internationaux à comité de lecture de haut niveau qui peuvent être soit généralistes soit plus spécialisés. Par ailleurs, l'étudiant(e) sera incité(e) à participer à des congrès nationaux/internationaux au moins deux fois au cours de sa thèse pour présenter ses travaux. Si l'étudiant(e) est amené(e) à développer des logiciels ou techniques particuliers, ceux-ci si seront également valorisés sous forme de publications à des congrès informatiques et mise en accès public via le site web de la station biologique.

**Réorientation possible du sujet :**

Le projet *SyneMod* s'inscrit dans le cadre du programme ANR SAMOSA (2014-2019) qui implique 1 équipes de biologistes marins (UMR7144, Roscoff) et 3 équipes de bioinformaticiens (plateforme ABIMS, Roscoff ; UMR 6074, Rennes ; UMR 6241, Nantes) et de deux objets d'excellence (Oceanomics, EMBRC-France). Toutes les compétences nécessaires sur le modèle d'étude et en bioinformatique sont donc réunies pour la réalisation de ce projet. De plus, la plupart des données nécessaires (génomés, transcritomes, métagénomés) sont d'ores et déjà disponibles, ce qui réduit considérablement le risque d'échec et les façons d'exploiter ces données sont multiples, ce qui devrait permettre de moduler le sujet en fonction de l'intérêt ou des compétences de l'étudiant(e) retenu(e).

### **Faisabilité du 3 ans (échancier) :**

0- Recherches bibliographiques (mois 1-4) 1- Génomique comparative (54 génomes de *Synechococcus*) Identification gènes communs/spécifiques des écotypes (mois 1-10) 2- Modélisation des réseaux de régulation génique Principales fonctions chez la souche modèle WH7803 (mois 1-10) Fonctions partagées par toutes les souches (mois 7-19) Réseau commun à l'ensemble des écotypes (mois 13-22) Adaptations spécifiques à chacun des écotypes (mois 16-31) Réseau combinant la réponse commune et spécifique des écotypes (mois 19-34) 3- Méta-génomique/transcriptomique (Tara Oceans, Tara Polar Circle, Malaspina) Identification des biomarqueurs des réseaux de gènes dans ≠ zones océaniques (mois 16-34) Rôle des écotypes de *Synechococcus* dans la structuration des communautés (mois 22-34) 4- Rédaction Articles/Thèse (mois

### **Profil du candidat recherché**

Le ou la candidate devra avoir des compétences avérées en analyse de données et/ou bio-informatique et/ou modélisation des systèmes biologiques, et ce notamment pour l'analyse des données « omics ». Ces compétences incluent la maîtrise des langages de programmation scripts (i.e., python, perl, R, Matlab ...) et un intérêt pour la formalisation des questions biologiques. Le candidat devra par ailleurs montrer une motivation certaine pour les questions de microbiologie environnementale ou d'écologie.

**The paradox of being a specialist for a parasite of marine blooming dinoflagellates**

**Equipe :** Diversité et Interactions au sein du plancton Océanique (DIPO)

**Directeur de thèse HDR :** Laure GUILLOU

**Contact :** lguillou@sb-roscoff.fr

### **Descriptif du sujet de thèse**

The parasitism is a frequent lifestyle in nature and a major source of evolutionary pressure for both the host and the parasite. Given the ubiquity of host-parasite interactions, understanding the factors that generate, maintain, and constrain these associations is of primary interest with implications for a wide range of ecological issues, including dynamics of emerging infectious diseases and invasions (Daszak et al. 2000, Keane and Crawley 2002). Although little studied, many extremely virulent microeukaryotic parasites infecting microalgae have been detected in the marine plankton. Among them are Syndiniales, which constitute a diverse and highly widespread group (Guillou et al. 2008). Because of their virulence and abundant offspring, such parasites have the potential to control dinoflagellate populations, and therefore toxic microalgal blooms (Alves de Souza et al. 2015). These parasites usually exhibit a narrow host spectrum (Chambouvet et al. 2008). Such specialization strongly relies on the life-history traits and ecology of the host. However, coastal planktonic ecosystems are by nature characterized by strong environmental fluctuations and rapid turnovers, even at the population level (Dia et al. 2014). Considering the short generation time and the high dispersal capacity of microalgae, their parasites must adapt at a significantly faster rate than for larger hosts (e.g. plants or animals). All of these considerations should theoretically lead to the natural selection of generalist parasites at the expense of specialists. The persistence and ecological success of specialists among marine planktonic parasites is thus an intriguing paradox. We hypothesise that host specialization is constrained by evolutionary processes underlying key steps during the infection (such as penetration inside the host and the takeover of the host). We will explore this hypothesis at the cellular level, using molecular approaches. For that, we will screened intra and inter variability of > 70 parasitic strains corresponding to 7 genetic clusters (based on their ITS). All of them belong to the same genus (*Amoebophrya*, Syndiniales) and infect dinoflagellates, but have different host range. NGS reads (RAD and/or MIG-seq) will be mapped on two newly sequenced complete genomes of this parasite having contrasting host range (one specialist and one able to infect several species and at least two genera), and for which a model of gene prediction is available (using transcripts acquired every 6 hours during a complete life cycle). Genes under positive selection will be screened with the hypothesis that such genes could be involved in speciation, host-parasite interactions, or sex determination. Special attention will be given to homologues with a known function find in other dinoflagellates and closely related parasites such as Apicomplexa (e.g. *Plasmodium falciparum*) and Perkinsozoa. Novel hypotheses will be then tested in the laboratory using living strains.

### **Résultats attendus**

Given the ecological success of Syndiniales in marine waters, acquisition and analysis of these two genomes is a great interest for the whole scientific community and very

helpful for metagenomic data analyses. Syndiniales are also closely related to very well known human parasites, such as *Plasmodium falciparum*, the malaria agent. We predict that comparisons will provide new interesting findings for both models. Among them is the fact that such parasites infecting microalgae is an easiest operational model, by ending its complete life cycle in only 2-3 days, by using a host that divide every 1-2 days and by the fact that only a basic microbiology laboratory is required for experimental tests for safety.

### **Stratégie de publication**

We always try to publish our results in international Journals with highest impacts as possible, with some success. In addition to publications generate during this PhD project, the student, by actively participating to the expert annotation, will be co-author of a general publication regarding these two genomes. This project is part of the ANR HAPAR, in collaboration with the ABiMS platform at Roscoff, the University of Ghent (Belgium), and the Genoscope (France). Most of these collaborating peoples used to work together in the past on genome acquisition and data analyses with success (genomes of prasinophytes, *Ectocarpus*, *Chondrus*, *Zostera* ..., all published in very prestigious international Journal such as Nature and PNAS).

### **Réorientation possible du sujet**

Because the PhD project is starting after the acquisition of major resources of the project (isolation of strains, DNA extraction, genome acquisition, and gene prediction), failure possibilities are rather limited. For example, primers necessary for the MIG-seq approach could be first tested in silico on both genomes (number and size of amplicons). This PhD project is also consolidated by strong international collaborations. A comity thesis will be regularly consulted, helping to guaranty rapid future reorientation of the project if necessary.

### **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

All of these parasitic strains have been collected for DNA extraction and are ready to be screened using NGS technology (RAD and/or MIG-seq). We plan to finalize the sequencing before the start of this PhD. The first year will be thus dedicated to the analysis of the intra and the inter variability of available parasitic strains, in collaboration with the ABiMS platform at the Station Biologique of Roscoff, the UMI "Biodiversity and evolution of marine algae" at Roscoff and the team DYNECO (Ifremer at Brest with Mickael le Gac). The two following years will be dedicated to experimental tests in the laboratory and the redaction of publications and thesis, as well as the participation to international congresses.

### **Profil du candidat recherché**

- Strong background in Microbiology - Knowledge of NGS analysis tools and methods
- Knowledge in genetics and molecular biology - Ability to work and integrate a team -
- Autonomy, rigor and openness

**UMR 7205 - Institut de Systématique, Evolution,  
Biodiversité (ISYEB)**

## **Origine de l'endémisme en milieu insulaire : le modèle des Campanules de l'archipel du Cap Vert**

**Equipe** : Systématique et Macroécologie pour la Conservation

**Directeur de thèse HDR** : Serge MULLER

**Contact** : [smuller@mnhn.fr](mailto:smuller@mnhn.fr)

**Co-directeur(s)** : Jean-Yves DUBUISSON

**Co-encadrants** : Mark CARINE, Plants Division/Department of Life Sciences The Natural History Museum (UK) & Maria Manuel ROMEIRAS, IICT/University of Lisbon

### **Descriptif du sujet de thèse :**

Les îles océaniques volcaniques, souvent caractérisées par des taux d'endémisme élevés, sont des modèles de choix pour appréhender les processus de dispersion/colonisation à longue distance et de spéciation/diversification en milieu insulaire. Pour l'illustrer, nous proposons d'étudier la diversité et l'évolution des espèces de *Campanula* dans l'archipel du Cap Vert où elles structurent les milieux rupicoles des zones humides d'altitude. La taxonomie du groupe y est encore très discutée en raison d'une forte diversité phénotypique et des études récentes suggèrent plusieurs taxons micro-endémiques issus d'une possible radiation. Pour comprendre l'origine, la diversification et l'endémisme du genre dans l'archipel et tester la radiation potentielle, une approche intégrative est envisagée : 1) une étude comparative morphologique et morphométrique sur les traits floraux pour préciser les morphotaxons potentiels avec une révision taxonomique attendue, 2) une étude phylogénétique moléculaire pour préciser les relations entre taxons capverdiens et ceux des régions proches (principalement nord-africains), et 3) des datations moléculaires sur les lignées inférées qui seront confrontées à l'histoire géologique dans le but d'évaluer les potentiels patrons de diversification sur l'archipel. L'objectif général est de comprendre ainsi comment historiquement une communauté végétale se diversifie et se structure en milieu insulaire.

### **Résultats attendus**

Le travail sur la révision taxonomique a déjà été initié (Gardère, 2015) et pourra être vite valorisé par d'autres révisions sur le groupe pour l'archipel. La phylogénie et l'inférence biogéographique sont les résultats attendus qui pourront être valorisés dès la fin de la thèse.

Gardère, M.L. (2015) Two new species of *Campanula* (Campanulaceae) from the island of Santo Antão, Cabo Verde archipelago. *Phytotaxa* 197(2): 104–114.

### **Stratégie de publication**

A l'international, MC & MMR travaillent conjointement sur la flore macaronésienne. Collaborations internationales avec I. Gomes (Cap Vert).

Comme précisé dans l'échéancier, des descriptions de nouveaux taxons sont attendues et feront l'objet au moins d'un papier qui pourrait être soumis dès la deuxième année.

Les résultats phylogénétiques attendus devraient permettre la soumission de la phylogénie dès la 3<sup>ème</sup> année. On prévoit ainsi au moins deux publications avant la soutenance. D'autres publications sont possibles incluant l'étude de la colonisation de l'archipel par le genre (qui utilisera la phylogénie publiée).

### **Réorientation possible du sujet**

Le matériel est déjà disponible dans les collections, ce qui garantit que le ou la doctorant(e) pourra travailler sans la contrainte de son acquisition. Le risque est non nul pour la partie phylogénie moléculaire. Les réorientations possibles concerneront le choix des marqueurs les plus adaptés.

### **Faisabilité du 3 ans (échéancier) :**

**2016–2017** Etude morphométrique ; visites des collections ; début des travaux moléculaires (acquisition des données).

**2017–2018** Finalisation de l'acquisition des données moléculaires et analyses phylogénétiques et biogéographiques ; rédaction publications en taxonomie.

**2018–2019** Rédaction articles phylogénie et biogéographie et rédaction de la thèse.

### **Profil du candidat recherché :**

Excellentes bases en botanique et compétences en analyse de la diversité morphologique chez les plantes à fleurs. Des notions ou compétences en phylogénie seront un plus.

## **Rôle des refuges forestiers et des gradients écologiques dans la diversification des musaraignes afrotropicales**

**Equipe :** Equipe EVEC Evolution, Variabilité, Extinction, Environnement

**Directeur de thèse HDR :** Violaine NICOLAS-COLIN

**Contact :** vnicolas@mnhnfr

**Co-directeur(s):** Raphael CORNETTE

### **Descriptif du sujet de thèse**

Dans le débat sur les modes de diversification en forêt tropicale deux hypothèses de spéciation prédominent : celle mettant en avant le rôle de l'isolement géographique pendant les périodes glaciaires et celle invoquant le rôle de l'écologie et de la sélection divergente le long des gradients environnementaux. Cette dernière théorie est la plus discutée puisqu'elle suppose que la sélection naturelle est suffisamment forte pour contrecarrer les effets des flux de gènes. L'étude simultanée de la variation génétique et morphologique permet de tester directement ces théories. Si des populations allopatriques sont génétiquement et morphologiquement divergentes les unes des autres, alors l'isolement géographique joue un rôle important dans la diversification. Si des populations d'un habitat donné sont génétiquement divergentes mais morphologiquement similaires, alors que des différences morphologiques sont observées entre habitats distincts quelle que soit la distance géographique cela suggère que la sélection naturelle joue un rôle. Pourtant peu d'études de ce type ont été réalisées. De plus, le développement récent des approches génomiques permet d'identifier des zones du génome potentiellement sous sélection. Les musaraignes sont d'excellents marqueurs pour les études de biogéographie et la compréhension des facteurs de diversification en Afrique tropicale. Les études menées ces dernières années se sont surtout focalisées sur des espèces strictement forestières et ont mis en avant le rôle des refuges forestiers dans leur diversification. Dans ce projet nous nous intéresserons au complexe *Crocidura hildegardae-denti* que l'on retrouve en forêt et à l'écotone forêt-savane, et qui est largement répandu en Afrique tropicale. Ce complexe semble donc particulièrement bien adapté pour tester la théorie des refuges forestiers et de la sélection divergente comme moteur de diversification. Le nombre exact d'espèces au sein de ce complexe, leur répartition géographique et leurs préférences écologiques sont méconnus, de nombreuses formes ayant été décrites puis mises en synonymie. La révision de la systématique de ce complexe est donc un préalable indispensable afin de choisir les populations les plus appropriées pour notre étude des processus de diversification. Pour réaliser cette révision systématique nous combinerons des approches moléculaires (génomique mitochondriale complète, gènes nucléaires) et morphologiques (inclusion des spécimens types). Quelques populations seront ensuite sélectionnées pour tester sur un plus grand nombre d'individus quel est le degré de divergence génétique (Rad-Seq) et phénotypique entre des populations allopatriques et parapatriques au sein et entre habitats. Le degré de divergence génétique sera étudié à partir de marqueurs neutres et potentiellement sous sélection,

et le degré de variation phénotypique sera évalué par des analyses de morphométrie géométrique sur le crâne.

### **Résultats attendus**

Déterminer le nombre, la répartition géographique et les préférences écologiques des espèces à travers une approche intégrative. Retracer l'histoire phylogéographique de ce complexe d'espèces (estimation du cadre temporel via les datations moléculaires). L'utilisation de données génomiques permettra de : 1) quantifier la proportion du génome potentiellement sous sélection divergente, 2) identifier et contraster les patrons de divergence neutre et adaptative le long de gradients environnementaux. L'étude de la variabilité morphologique le long de ces mêmes gradients environnementaux viendra compléter cette étude. La combinaison de tous ces résultats nous permettra de déterminer le rôle respectif des refuges et de la sélection divergente dans la diversification des musaraignes.

### **Stratégie de publication**

- Un article sur l'histoire phylogéographique de ce complexe à partir des données moléculaires : datation des principaux événements de divergence, histoire démographique de chaque clade, reconstruction de l'histoire phylogéographique. Ce type de résultat pourra être valorisé dans des revues comme J Biogeog, Mol Ecol, BMC Evol Biol. - Un article sur la révision systématique de ce complexe (comparaison morphologique avec les spécimens types): combien y a-t-il d'espèces ? Quelles sont leurs aires de distribution et leur préférence pour l'habitat ? Ce type d'article pourra être publié dans Zool Scripta, Zool J Linn Society. - Un article sur le rôle respectif des refuges forestiers et de la sélection divergente dans la diversification de une ou plusieurs espèces de ce complexe. Ce type d'article pourra être publié dans Mol Ecol, BMC Evol Biol

### **Réorientation possible du sujet**

A priori ce sujet ne devrait pas nécessiter de réorientation puisque le matériel nécessaire à cette étude est disponible et les techniques d'analyses moléculaires et morphométriques sont maîtrisées par les encadrants de thèse. En cas de problème de financement pour les analyses Rad-Seq nous pourrions séquencer les mitogénomes et des gènes nucléaires potentiellement soumis à sélection (d'après les données de la littérature). Le sujet pourra être élargi à d'autres espèces de musaraignes, des collections importantes étant disponibles pour l'Afrique.

### **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

Tous les animaux nécessaires à cette étude sont disponibles. La première année sera consacrée à terminer l'étude de l'histoire phylogéographique de ce complexe (commencée durant un stage de M2 en 2015-2016) et rédiger l'article correspondant. Pendant cette première année il faudra également effectuer la révision systématique de ce complexe (comparaison avec les spécimens type). La deuxième année sera consacrée à l'obtention des données sur la variabilité génétique et morphologique de

quelques populations clés (gradient environnemental), ainsi qu'à la rédaction du papier de révision systématique. La troisième année sera consacrée à l'analyse des données sur la variation génétique et morphologique, et la rédaction du papier sur le rôle des refuges et de la sélection divergente dans la diversification de ce complexe.

**Profil du candidat recherché**

Etudiant(e) de M2 ayant suivi des modules d'évolution moléculaire. Une expérience préalable (stage) dans le domaine des manip de biologie moléculaires, des analyses phylogénétiques et/ou des analyses génomiques est requise. Intérêt pour la systématique et les approches intégratives.

## **Peut-on définir une radiation adaptative ? Etude du taux de diversification moléculaire versus disparité phénotypique chez les mammifères Carnivora**

**Equipe** Biogéographie, phylogéographie, systématique et conservation

**Directeur de thèse HDR :** Géraldine VERON

**Contact :** veron@mnhn.fr

**Co-directeur(s) :** Stéphane Peigné

### **Descriptif du sujet de thèse**

La théorie de la radiation adaptative prédit une diversification rapide, à partir d'un ancêtre commun, d'un ensemble d'espèces ainsi qu'une grande diversité écologique et phénotypique. Un facteur fondamental de ce processus est l'émergence d'opportunités écologiques, qui procurent les conditions permettant une spéciation au travers l'adaptation à différentes niches. Ces opportunités écologiques surviennent quand des dispersions spatiales et/ou écologiques exposent une espèce à un nouvel ensemble de ressources écologiques. De ce point de vue, les îles constituent un excellent laboratoire naturel qui offre de telles opportunités écologiques aux nouvelles espèces colonisatrices. C'est dans ce contexte que s'inscrit ce projet, qui vise à comprendre et mieux définir les liens entre taux ('tempo') de diversification moléculaire (phylogénies) et disparité phénotypique (ici, les données morphométriques), dans des contextes distincts de radiations insulaires (présence d'opportunité écologique) versus continentales (absence/moindre présence d'opportunité écologique). Les modèles (ordre des Carnivora) sont deux groupes-frères, le clade des Eupleridae (endémique, Madagascar) et celui des mangoustes solitaires (Herpestidae, Afrique continentale). Ces modèles présentent de nombreux avantages: phylogénie moléculaire bien résolue et calibrée pour les mangoustes, données acquises pour les Eupleridae qui devront être analysées, richesse équivalente et suffisamment modérée pour permettre une analyse comparative exhaustive. Le sujet est au cœur de préoccupations actuelles de biologie évolutive. Il concerne en particulier la comparaison des taux évolutifs de différents types de données, ici données moléculaires versus données de forme, que l'on ne pouvait il y a quelques années confronter faute de méthodes. Le développement très récent de méthodes d'analyses comparatives (voir Adams 2014 Syst. Biol. 63:166-177) permet aujourd'hui de comparer des taux d'évolution différents (le long d'une phylogénie donnée) pour un même trait phénotypique (ou données de forme) mais aussi de comparer les taux d'évolution de traits phénotypiques différents. Le sujet s'inscrit plus particulièrement dans le contexte théorique de la radiation adaptative, également au cœur de débats actuels (Losos 2010 Am. Nat. 175: 623-639, Pincheira et al. 2015 BMC Evol. Biol. 15:153). Le timing pour proposer ce sujet est donc parfait et permettra aux équipes du Muséum impliquées de profiter de ce contexte international tout à fait favorable.

## **Résultats attendus**

Les modèles étudiés ont évolué dans des contextes géographiques très différents (insulaire et absence de compétiteurs versus continental et présence de compétiteurs). Nous nous attendons donc à : - une différence entre dynamique (et/ou tempo) de diversification moléculaire et/ou taxonomique et dynamique de la disparité phénotypique au sein d'un même modèle et, plus globalement, entre les deux modèles ; - une différence de dynamique (et/ou tempo) de disparité phénotypique en fonction des traits phénotypiques (par exemple le crâne versus le squelette).

## **Stratégie de publication**

La stratégie de publication impliquera la publication d'articles concernant les différents aspects développés. La stratégie sera de valoriser les résultats obtenus pour chaque modèle, chaque grande région anatomique (crâne versus post-crânien) et chaque type de tissu (durs versus mous) par la production d'articles, au cours de la 2e année. Cette valorisation sera complétée par des articles de fond concernant les résultats des comparaisons entre modèles et entre région et tissu anatomique

## **Réorientation possible du sujet**

Le sujet ne comporte pas de risque particulier. L'essentiel des données est disponible ; les acquisitions nouvelles concerneront les données morphométriques des os longs de certains taxons et une partie des données de tissus mous. Les méthodes d'acquisitions (imagerie, dissection) sont routinières au sein des équipes concernées. Les méthodes d'analyses, bien qu'innovantes, ne présentent pas de risques opérationnels et l'encadrement scientifique proposé (voir 'Faisabilité') limite considérablement les risques.

## **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

Une grande partie des données moléculaires et morphométriques sont déjà disponibles ou en cours d'acquisition (un stage de M2 a permis l'acquisition des données moléculaires pour les Eupleridae et un stage de M2 est en cours pour l'acquisition des données de morphométrie crânienne). Le doctorant bénéficiera de l'encadrement complémentaire d'A.C. Fabre (UMR7179 Mecadev) pour les aspects de morphométrie géométrique et d'H. Morlon (UMR8197 ENS Paris) pour les aspects théoriques. Echancier : 1ère année : acquisition des données de morphométrie géométrique 3D complétant la base de données déjà disponible et acquisition des données sur les tissus mous ; acquisition des compétences d'analyses; début des analyses ; 2e et 3e année : analyses et interprétations des données ; valorisation des résultats (articles, congrès).

## **Profil du candidat recherché**

Candidat ayant de solides connaissances en anatomie crânienne et postcrânienne des mammifères, une expérience dans le traitement des données morphométriques et/ou moléculaires ainsi qu'une expérience dans l'analyse statistique des données.

## **Les Lépidoptères Saturniidae et Sphingidae de la région néotropicale : patrons spatiaux de diversité et dynamique de leur diversification**

**Equipe** Equipe DPSII, Diversité Périspécifique, Spéciations, Interactions, Invasions

**Directeur de thèse HDR** : Marianne ELIAS

**Contact** : elias@mnhn.fr

**Co-directeur(s)** : Rodolphe Rougerie

### **Descriptif du sujet de thèse**

Les patrons de diversité et la compréhension des mécanismes évolutifs et écologiques qui en sont à l'origine sont deux objets d'étude fondamentaux en biologie. Nos connaissances dérivent cependant principalement d'études sur les vertébrés et les plantes ; aucune étude n'a encore été menée à large échelle chez les invertébrés, qui représentent pourtant les organismes pluricellulaires les plus diversifiés et un groupe fonctionnel extrêmement important. Cette lacune est largement causée par le déficit taxonomique et biogéographique affectant ces organismes, tout particulièrement dans la zone intertropicale qui renferme la majorité des espèces. Dans ce contexte, nous proposons une étude visant à (1) documenter, dans la région néotropicale, les patrons de diversité de deux familles de Lépidoptères représentant plus de 2000 espèces et (2) analyser ces patrons dans un cadre évolutif et écologique pour déterminer les principaux mécanismes et événements qui ont amené à cette diversité et à sa distribution spatiale. Les modèles étudiés – les Saturniidae et Sphingidae – sont aux insectes ce que les oiseaux sont aux vertébrés : diversifiés, spectaculaires et populaires. Ils offrent une opportunité unique de mener une telle étude sur des insectes pour plusieurs raisons : - La richesse et l'étendue des collections, de la littérature et des bases de données. - L'existence de librairies de codes-barres ADN pour près de 95% des espèces mondiales (>80000 séquences ADN) offrant une résolution taxonomique unique. - L'existence de banques de tissus et extraits d'ADN pour la quasi-totalité des espèces. - La disponibilité, pour de nombreuses espèces, de données en lien avec l'écologie, les capacités de dispersion et d'adaptation (ex. plantes-hôtes, phénologie). - La relation de groupe frère entre ces familles et des radiations limitées au continent sud-américain pour plusieurs sous-familles permettant de comparer nos résultats dans différents clades. L'étude portera sur la région néotropicale qui comprend plusieurs « points-chauds » de diversité et notamment la région tropicale andine qui est la région hébergeant la plus haute diversité biologique sur Terre. La documentation des patrons de diversité et la reconstruction de la dynamique spatiale et temporelle de diversification de ces papillons permettront de tester différentes hypothèses sous-jacentes aux événements de spéciation, de colonisation, d'extinction à l'origine de la diversité actuelle et de sa distribution. Seront notamment testés : - Les rôles d'importants changements paléo-environnementaux tels que ceux causés par l'orogénèse andine et les cycles d'ingression marine du bassin amazonien, la fermeture de l'isthme de panama, ainsi que les changements

climatiques survenus au cours du cénozoïque. - L'impact sur cette diversification de caractéristiques biologiques des espèces et des lignées.

### **Résultats attendus**

Le travail du doctorant mènera à la discrimination par une approche intégrative de la diversité des espèces de Saturniidae et Sphingidae de la région néotropicale et à la caractérisation de leurs aires de distribution. Des phylogénies datées incluant toutes les espèces d'une sélection de genres parmi les plus diversifiés seront produites par une approche pangénomique faisant appel aux nouvelles technologies de séquençage. Ces résultats bruts serviront de base aux analyses des patrons temporels et spatiaux de diversification et permettront de tester les rôles respectifs des événements géologiques et climatiques et des caractères écologiques dans la diversification. La comparaison des deux familles permettra d'identifier des processus communs, ou particuliers à l'une de ces familles.

### **Stratégie de publication**

1. Taxonomie intégrative (formation à la taxonomie moderne combinant approche morphologique et génétique) par la description d'au moins une espèce nouvelle par le doctorant. Par ex. dans Zookeys/European Journal of Taxonomy. 2. Données de distribution et SDMs : release dans GBIF/MapOfLife avec article d'accompagnement. Par ex. dans Biodiversity Data Journal, PLoSOne. 3. Phylogénie datée et complète à l'espèce d'un ou plusieurs genres des familles cibles, par une approche pangénomique (RAD, mitogénomes). Par ex. dans Molecular Phylogenetics and Evolution. 4. Diversification des deux familles dans la région néotropicale. Il s'agit de l'article principal, objectif de fin de doctorat et publiable dans une revue généraliste à fort impact – PNAS, PLoS Biology

### **Réorientation possible du sujet**

Le sujet ne comporte pas de risques d'échec dans l'acquisition ou l'analyse des données nécessaires à son déroulement. Les données déjà acquises ou en cours d'acquisition dans le cadre de deux projets ATM (RAD COP et LONOMIA) en cours et du projet ACTIAS (porteur R. Rougerie) financé par la FRB (CESAB) seront suffisantes pour garantir le déroulement du doctorat et la réalisation de ses objectifs. La variable d'ajustement principale sera le degré de profondeur de l'analyse phylogénétique qui dépendra de l'obtention de financements dédiés.

### **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

Année 1 : compilation des données de diversité, de traits de vie et de distribution des espèces ; terrain éventuel (acquisition de tissus pour analyses moléculaires) ; travail de laboratoire pour la construction des jeux de données génétiques. Année 2 : production des modèles de distribution géographique des espèces, analyses phylogénétiques. Année 3 : analyses de diversification et rédaction de la thèse avec publication principale (#4) initiée en fin de thèse. A noter le déroulement en parallèle du projet ACTIAS qui contribuera largement à la compilation des données de diversité, de traits de vie et de distribution lors de la 1ère année (emploi d'un technicien pour 12

mois à partir de 04/2016) et à la production des modèles de distribution géographique lors de la seconde année (postdoc employé pour 24 mois à partir de 11/2016)

### **Profil du candidat recherché**

Le candidat devra avoir de bonnes compétences en systématique (taxonomie, phylogénie), en phylogénie moléculaire et si possible dans le domaine de la génomique et des méthodes faisant appel aux nouvelles technologies de séquençage. Une familiarité avec les outils d'analyse statistique tel le logiciel R est souhaitable. Un intérêt pour l'entomologie et pour l'histoire biogéographique et climatique de la région néotropicale serait un atout, de même qu'une expérience du terrain en région tropicale ou du moins la volonté de participer à une mission de collecte en Amérique du Sud.

## **Métagénomique et caractérisation de la biodiversité en Nouvelle-Calédonie**

**Equipe** EVOFONCT

**Directeur de thèse HDR** : Philippe GRANDCOLAS

**Contact** pg@mnhn.fr

**Co-directeur(s)** : Rodolphe ROUGERIE

### **Descriptif du sujet de thèse**

Caractériser globalement un peuplement sur le plan moléculaire par une approche de métagénomique environnementale peut permettre de répondre rapidement à des questions cruciales sur la biodiversité allant de l'inventaire ou de la mesure de la richesse spécifique à la documentation du turn-over spatial ou temporel dans les communautés, en passant par des analyses fonctionnelles ou phylogénétiques. En Nouvelle-Calédonie – « hotspot » riche en espèces endémiques et vulnérables – il est important d'obtenir rapidement des réponses à ces questions. Le sujet se propose donc de caractériser les communautés des insectes du sous-bois des forêts du Sud de la Nouvelle-Calédonie par la méthode de la métagénomique environnementale. Cette méthode sera appliquée à des échantillons acquis par piégeage standard pendant la grande expédition "La Planète revisitée 2016" dans deux localités et avec de multiples réplicats. Le sujet comporte une dimension méthodologique qui consistera à comparer l'extraction globale d'ADN à partir d'un homogénat des spécimens avec l'analyse de l'ADN détectable dans le liquide de conservation. L'étude métagénomique permettra d'obtenir une estimation du nombre d'espèces et de parvenir à leur identification grâce à la construction en parallèle de bibliothèques de référence liant un ou plusieurs marqueurs moléculaires (codes-barres ADN) à des informations taxonomiques attribuées par des experts. Les résultats seront comparés à ceux obtenus par une étude morphologique des échantillons et permettront de statuer sur l'application et l'efficacité d'une telle méthodologie pour la caractérisation rapide des communautés d'arthropodes. Les données moléculaires seront également utilisées pour analyser et comparer la structure fonctionnelle et phylogénétique des communautés, et, dans un contexte de forte endémicité, pour évaluer le degré de singularité évolutive de ces assemblages d'espèces. Au plan politique, la métagénomique est perçue comme un outil incontournable pour l'exploration de la biodiversité du fait du développement des méthodes de séquençage de nouvelle génération. Elle a pour avantage de viser la globalité des génomes représentés dans un échantillon, et des développements méthodologiques récents permettent même d'entrevoir l'abandon des étapes d'amplification de marqueurs cibles par PCR, offrant potentiellement une meilleure représentativité de la diversité de l'échantillon. L'utilisation de cette approche pour des organismes non microbiens est encore rare et elle pose plusieurs problèmes méthodologiques. Il devient donc indispensable de mettre au point des méthodologies et de l'appliquer à des situations bien maîtrisées. Cette mise au point sera réalisée dans le cas particulièrement valorisant de la faune endémique de la Nouvelle-Calédonie, « hotspot » de biodiversité, dont la

caractérisation rapide est importante pour des questions de conservation. Cette étude valorisera la grande expédition du Muséum "La Planète revisitée" en 2016.

### **Résultats attendus**

Le sujet permettra de valider, par comparaison avec des méthodes traditionnelles, l'application d'une méthode d'échantillonnage et de caractérisation moléculaire globale et rapide de communautés de macro-organismes terrestres. Elle permettra en outre de caractériser le peuplement d'insectes des forêts d'un « point chaud » de biodiversité, en mesurant sa diversité alpha et bêta ainsi que son degré d'endémicité et de connaissance.

### **Stratégie de publication**

Il est prévu une publication méthodologique à fort impact, une publication liée au développement de bibliothèques de référence de codes-barres ADN pour la région, et deux publications décrivant le cas d'espèce étudié dans le contexte évolutif exemplaire de la région.

### **Réorientation possible du sujet**

Le sujet ne comporte pas de risques notables d'acquisition ou de traitement de données. Néanmoins, les dimensions méthodologiques ou descriptives/inférentielles sur les communautés se suffisent respectivement à eux-mêmes et pourraient constituer un résultat plus limité mais suffisant pour la thèse.

### **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

Les échantillons seront acquis avant le début de la thèse et les analyses moléculaires seront conduites immédiatement pendant le premier semestre. Pendant leur obtention, une routine parallèle pour la caractérisation morphologique des échantillons sur deux semestres sera mise en place. L'analyse des résultats moléculaires sera conduite pendant le deuxième et le troisième semestres. Les deux semestres suivants seront consacrés à l'analyse phylogénétique et statistique des résultats, ainsi qu'au début de la rédaction des articles et de la thèse qui durera jusqu'à la fin de la thèse.

### **Profil du candidat recherché**

Le candidat devra avoir une forte familiarité avec les méthodes moléculaires, si possible de NGS. Il devra s'intéresser à la caractérisation de la biodiversité et aux développements méthodologiques. Des connaissances de la diversité des insectes et des compétences d'identification seront des atouts importants.

## **Evolution et développement des ailes des papillons Morphos : histoire évolutive d'une aile soumise à de multiples sélections**

**Equipe** Evolution et Développement des variations Phénotypiques

**Directeur de thèse HDR** : Vincent Debat

**Contact** : [debat@mnhn.fr](mailto:debat@mnhn.fr)

**Co-directeur(s)** : Violaine LLAURENS

### **Descriptif du sujet de thèse**

Les papillons néotropicaux du genre *Morpho* présentent une grande diversité de formes et de couleurs. Les ailes sont généralement bleu iridescent côté dorsal, et plus cryptiques – brunes avec des ocelles – sur la face ventrale. L'aile est dans son ensemble impliquée dans le vol, alors que ses deux faces semblent soumises à des pressions de sélection contrastées. Cette situation, où une structure développementalement intégrée est soumise à des sélections différentes, voire contradictoires, est idéale pour analyser les rôles respectifs de la sélection et des contraintes développementales dans la diversification morphologique. L'objectif de ce sujet de thèse est de comprendre l'évolution des formes et des couleurs dans ce genre emblématique, en combinant des approches expérimentale, morphométrique et de génétique du développement. Les collections uniques du Muséum permettront de décrire et quantifier la diversité phénotypique. Par des expériences d'analyse du vol en laboratoire et sur le terrain, nous caractériserons les performances associées aux différences de formes d'ailes entre espèces de sous-bois et de canopée, afin de comprendre la sélection exercée sur le vol dans ces micro-habitats. Puis nous explorerons les bases génétiques des variations de couleurs en focalisant sur une espèce facile à élever, *Morpho helenor*. Ce projet de thèse sur l'évolution des formes et des motifs des ailes replacera les processus développementaux impliqués dans un contexte macro-évolutif. Contexte national et international: L'évo-dévo, combinant développement et phylogénie, permet de mieux comprendre la diversité phénotypique, cependant les processus sélectifs y sont encore peu intégrés. Nous proposons de combler cette lacune dans l'étude de l'évolution de la forme et des couleurs des ailes des papillons Morphos. Les papillons sont un modèle phare en évo-dévo : leur développement commence à être bien connu, avec la récente découverte de régions génomiques recrutées de manière répétées pour des motifs alaires contrastés dans diverses espèces de Lépidoptères. La disponibilité de la phylogénie des Morphos ainsi que la forte expertise du muséum sur ce genre permettra à l'étudiant d'apporter des résultats nouveaux sur l'évolution de ces traits complexes. Enfin, la mise en évidence dans l'équipe de l'influence de l'écologie sur les formes des ailes le genre *Morpho* malgré le fort signal phylogénétique souligne l'importance de caractériser les performances de vol associées aux variations de formes des ailes.

## **Résultats attendus**

- L'analyse des patrons de couleurs et de la forme des ailes permettra de quantifier leur évolution dans la phylogénie en relation avec l'habitat, mais également leur co-variation (couleur/forme). - L'analyse du vol n'a été faite que dans un nombre très limité de modèles, et jamais dans un cadre phylogénétique. On s'attend notamment à des différences entre espèces de sous-bois et de canopée. - Les résultats de génétique du développement pour ce nouveau modèle (expression des gènes connus chez d'autres espèces) seront très novateurs.

## **Stratégie de publication**

Ces trois aspects traités, tous originaux, seront certainement publiables dans de bonnes revues spécialisées. Un article transversal plus ambitieux pourra être tenté pour une revue généraliste de fort impact.

## **Réorientation possible du sujet**

Un recentrage sur l'analyse morphométrique et colorimétrique pourra être envisagé. La qualité et la quantité des données déjà disponibles (photos de 911 individus des collections) sont suffisantes à une production scientifique de bon niveau.

## **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

Le projet repose sur un échantillonnage et des données disponibles exceptionnels (images et forme des deux paires d'ailes de 911 specimens), qui ont fait l'objet d'une première publication (coll. P. Blandin). Il s'appuiera sur des travaux préliminaires en cours: (1) analyse du vol en serre (coll. A. Herrel) (2) Stage M1: biomécanique des ailes (coll. physicien de l'ESPCI) (3) Stage M2: analyse des patrons de couleurs – mise au point des protocoles génétiques (4) mission de terrain en juillet (ATM blanc, UMR 7205): données de vol et écologie. Echancier : Année 1: terrain, analyse génétique, analyse de couleurs, morphométrie, article1 Année 2: analyse du vol, analyse génétique, article 2 Année 3: analyse du vol, analyse génétique, article 3, ms thèse

## **Profil du candidat recherché**

Le candidat devra avoir de solides bases en écologie évolutive et biologie des populations. Une bonne maîtrise des outils statistiques (R) est recommandée. Des notions de morphométrie ou de génétique du développement seraient utiles.

## **Ecologie et dynamique génétique des populations de truffe noire (*Tuber melanosporum*)**

**Equipe** : Interactions et évolution végétale et fongique (INEVEF)

**Directeur de thèse HDR** : Marc Selosse

**Contact** : ma.selosse@wanadoo.fr

### **Descriptif du sujet de thèse**

La truffe est un ascomycète haploïde qui vit en symbiose mycorhizienne avec les racines d'arbres. Après fécondation, elle forme un organe charnu et comestible, la fructification, qui porte les spores méiotiques assurant la dispersion. On connaît mal la diversité des interactions de la truffe avec les plantes ni les modalités de sa fécondation. Nous précisons son écologie et sa reproduction à l'échelle de populations en truffières spontanées et plantées. Appuyée sur les recherches actuelles de l'équipe, cette thèse assure une formation à des outils multiples. 1 – Interaction avec les plantes. La truffe provoque autour de son mycélium une végétation herbacée mal développée, le brûlé, au déterminisme mal connu. Nos travaux préliminaires montrent que les individus formant des mycorhizes avec les arbres colonisent aussi les racines de plantes herbacées, d'une façon diffuse contrastant avec celle, dense et organisée, des mycorhizes. La colonisation des herbacées sera étudiée par : 1a - génotypage des individus sur les racines des herbacées et des arbres voisins, pour établir une cartographie génétique (avec 15 locus microsatellites) 1b - microscopie électronique sur les racines des herbacées pour repérer des filaments de truffe et leurs interactions avec les racines (légère prise de risque) 1c - hybridation de sondes spécifiques (FISH) pour démontrer l'identité des filaments (prise de risque pour la mise au point) Cet axe revisite la nature de la niche écologique de la truffe. Nos résultats comprendront la détection des autres champignons sur les herbacées, et établiront si cette niche étendue est propre à la truffe ou commune à tous les mycorhiziens des arbres. 2 – Sexualité et flux de gènes. La fructification implique deux partenaires : l'un forme les tissus stériles (ind. maternel) ; l'autre ne laisse que ses gènes dans les spores (ind. paternel). Le génotypage des parties stériles et des spores (en masse, donnent le génome zygotique) génotype en routine les 2 parents. Les gènes sont dispersés par les spores mais peut-être aussi par des gamètes mâles (ceci reste spéculatif, mais des gamètes mobiles existent chez des espèces voisines). Les recherches récentes ont échoué à localiser les individus paternels dans le milieu. Nous étudierons ici leur origine : 2a – des génotypages multiples dans des fructifications de juin à décembre préciseront le degré de selfing, le moment et le nombre d'apports paternels (peu de risques, microsatellites ut supra) 2b – des typages sur les mycorhizes établiront si on retrouve les pères à distance des fructifications et s'il existe un flux de gènes gamétique 2c – les typages de la tâche 1a testeront la présence des pères sur les racines d'herbacées, pas encore été testées comme localisation des pères Cet axe met en place un modèle de dynamique génétique des populations de champignons ascomycètes. Il aidera à comprendre la recombinaison, la structuration de la diversité génétique et les mécanismes de fructification.

## Résultats attendus

On attend une meilleure connaissance de l'écologie de la truffe, amplifiant nos résultats préliminaires non publiés. Ceci comprend une révision de la niche écologique des champignons mycorrhiziens des arbres, semble-t-il capables d'une colonisation diffuse des racines d'autres plantes. Or ceci peut à terme modifier les itinéraires techniques qui souvent éliminent les herbacées. Par ailleurs, on connaîtra la structuration génétique des populations d'un ascomycète en condition sauvage versus domestiquée, dont aucun modèle n'existe (hors quelques parasites) à ce jour. Enfin, les mécanismes génétiques de la fécondation, et donc de la formation de la partie comestible, seront précisés. Cette thèse forme à des savoir-faires en génomique, génétique des populations, imagerie classique et FISH, écologie microbienne de terrain et analyse de données.

## Stratégie de publication

On vise 4 à 5 articles au moins : A - le point 1a révèle la diversité végétative. Objectif : Molecular Ecology B - les points 1b et 1c précisent l'interaction sur racine d'herbacées. Objectif : Fungal Biology C - le point 2a précise l'appariement génétique. Objectif : Molecular Ecology D - les points 2b et 2c précisent l'origine des pères : selon résultats, à fusionner avec C ou à publier séparément. Objectif : Fungal Biology E - le thésard sera associé à l'écriture d'une revue sur la génétique des populations de champignons mycorrhiziens – commande Springer pour 2018.

## Réorientation possible du sujet

Aucune envisagée, voir prise de risque limitée à l'imagerie (plus haut). Toutefois, d'autres problématiques de génétique des populations fongiques font actuellement l'objet d'échantillonnages qui pourront servir en cas de besoin (genre *Laccaria*, isolement par les distances intercontinentales, et *Lactarius*, effets populationnels de la domestication).

## Faisabilité du 3 ans (échancier)

Ce travail impliquera l'unité Interactions Arbres Micro-organismes à Nancy (A. Deveau, pour la FISH) et un accès aux plates-formes techniques du Muséum : plate-forme de biologie moléculaire (UMS 2700 OMSI, encadrant dédié J. Lambourdière, AI CNRS), de microscopie optique et électronique (Plateau Technique de Microscopie Électronique et de Microanalyses, encadrant dédié C. Djediat, IR CNRS), et en cas de besoin, plate-forme FISH (au sein de l'UMS 2700). Récoltes : semestres 1 à 4 (certaines sont déjà acquises) Tâche 1a (géotypage sur les racines) : semestres 2 à 4 Tâche 1b,c (visualisation sur les racines des herbacées) : semestres 3 à 5 Tâche 2a (typage des pères selon les stades) : semestres 2 à 4 Tâche 2b,c (présence des pères) : semestres 2 à 4 Ecriture : semestres 1 et 2 (revue) puis 5 à 6 (articles de recherche proprement dits)

## **Profil du candidat recherché**

Candidat intéressé à des tâches variées autour d'un modèle fongique. Base de génétique des populations et d'écologie microbienne souhaitée. Mobilité de terrain requise pour échantillonner, qualité de contact humain (travail avec les truffculteurs) souhaitées.

## **Des ailes, pour quoi faire ? Evolution des formes et des fonctions des ailes chez les Insectes Orthoptères**

**Equipe** : Equipe Evolution Fonctionnelle et Systématique (Evofunc)

**Directeur de thèse HDR** : André NEL

**Contact** : [anel@mnhn.fr](mailto:anel@mnhn.fr)

**Co-directeur(s)** : Laure Desutter

### **Descriptif du sujet de thèse**

La relation forme - fonction est centrale en biologie de l'évolution. Elle permet de comprendre l'adaptation des organismes par la modification des structures ou leur conservation avec acquisition de fonctions différentes. Les ailes des Orthoptères constituent un modèle remarquable à cet égard car les plus diversifiées des insectes actuels et fossiles, et impliquées dans des fonctions clés (vol, communication, reproduction). D'après des hypothèses récentes, leur histoire évolutive semble compliquée, impliquant convergences et parallélismes structuraux et fonctionnels. Cependant, aucune de ces hypothèses ne repose sur des homologies fiables des caractères alaires, tant pour les espèces actuelles que pour les fossiles, nombreux et bien conservés chez les Orthoptères. Six modèles de nervation coexistent, rendant instable la systématique du groupe et nuisant à la reconstruction de son histoire évolutive. En effet, structures longues et de très faible épaisseur, les ailes ont toujours été étudiées en deux dimensions, par simplification. La microtomographie à rayons X nous a permis de restituer la diversité des ailes en trois dimensions malgré leur faible épaisseur et de combler ces lacunes : établis sur quelques taxons, ces résultats apportent les outils nécessaires au réexamen de la nervation des Orthoptères (pub. en prep.). Quant au lien nervation – fonction, il peut être exploré par des analyses multivariées de formes (étude en cours sur une aile de sauterelle-feuille permienne). En parallèle, les développements phylogénétiques récents apportent une base solide sur la phylogénie des Orthoptères actuels (Muggleston et al 2013, Song et al 2015, Chintauan-Marquier et al 2016) : Une phylogénie moléculaire extensive des Orthoptères est ainsi en cours de réalisation, avec des développements récents en NGS (Chintauan-Marquier et al, travaux en cours). Le sujet de thèse proposé consiste à tester les hypothèses sur l'évolution des ailes (nervation) et de leurs fonctions (formes) chez les Orthoptères, en réexaminant la nervation des taxons actuels et fossiles. Le cadre phylogénétique de référence, établi par le moléculaire, sera complété avec des caractères alaires pour les espèces actuelles et les fossiles : l'étudiant se chargera de la partie morphologique et participera aux développements moléculaires sans travail à la pailasse. L'influence des changements environnementaux et de la mise en place des flores modernes sur les patrons de diversification sera testée. Notre équipe est idéalement située pour la réalisation du sujet : nous avons établi la nouvelle méthode d'étude de la nervation alaire ; nous proposons un nouveau schéma de nervation, établi sur quelques taxons, mais testé avec succès sur des fossiles ; et nous avons une connaissance étendue de la diversité actuelle et fossile du clade. Enfin, nous participons aux développements sur la

phylogénie moléculaire des Orthoptères, par nos travaux propres et via des collaborations déjà bien engagées.

### **Résultats attendus**

1) Réexamen de la nervation des Orthoptères modernes et fossiles 2) Réévaluation de la diversité des syndromes alaires chez les Orthoptères modernes et fossiles, et hypothèses sur leur fonction 3/ Plus spécifiquement, homologues des structures alaires impliquées dans la fonction de chant chez les différentes lignées fossiles, au vu des résultats déjà obtenus pour l'actuel 4) Compléter la phylogénie moléculaire des Orthoptères par une matrice morphologique (espèces actuelles et fossiles), de manière à intégrer les fossiles dans la phylogénie 4) Confronter patrons et syndromes de nervation à la phylogénie des Orthoptères ; analyser l'évolution des fonctions au sein de l'ordre (diversification, convergence, parallélisme) et la mettre en relation avec les grands changements environnementaux (mise en place des flores, crises de la biodiversité)

### **Stratégie de publication**

Chaque point des résultats attendus générera au moins une publication dans des revues à haut facteur d'impact, grâce notamment à la prise en compte des espèces fossiles en complément des actuelles.

### **Réorientation possible du sujet**

Du point de vue technique, l'indisposition et/ou l'engorgement du CT- scan MNHN pourraient freiner le déroulement de la thèse : la solution de repli étant d'utiliser le CT scan de Poitiers (collaboration R. Boistel), ou l'équipement SOLEIL. Du point de vue thématique, un sujet de repli pourrait concerner les seuls Hagloidea actuels et fossiles, qui présentent une bonne diversité alaire, en termes de structures et de fonctions.

### **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

L'utilisation de l'imagerie 3D pour l'étude de la nervation a été validée par les porteurs du projet. Environ 50 taxons devront être étudiés, tous identifiés et disponibles dans les collections du MNHN ou dans des musées étrangers (collaborateurs). Le CT scan du MNHN sera utilisé pour compléter le jeu de données, une partie des taxons ayant déjà été scannée en 2014. Année 1 : scan et reconstitutions des coupes de segmentation (5 mois). Comparaison des patrons de nervation et des syndromes morphologiques. Année 2 : analyse phylogénétique ; hypothèses d'évolution des appareils et des fonctions Année 3 : publications et rédaction de la thèse

### **Profil du candidat recherché**

Le candidat sera ou acceptera de se former pour devenir autonome pour la reconstitution des coupes de segmentation 3D. Il devra également avoir une connaissance approfondie des concepts de l'analyse phylogénétique.

## **Approche génomique de la macroévolution**

**Equipe** : Atelier de Bioinformatique

**Directeur de thèse HDR** : Guillaume ACHAZ

**Contact** : guillaume.achaz@mnhn.fr

**Co-directeur(s)** : Amaury Lambert, Ingrid Lafontaine

### **Descriptif du sujet de thèse**

Ce projet vise à développer un cadre probabiliste qui permettra l'inférence statistique des processus macro-évolutifs de diversification et d'extinction des espèces à partir de séquences génomiques contemporaines que ces processus ont, en quelque sorte, façonnées. Les méthodes d'inférence actuellement disponibles se basent sur des données de type phénotypique ou populationnel (traits actuels et fossiles, distributions d'abondances, etc.) qui sont lourdes à récolter, réduisant ce type d'inférence à un très petit nombre d'espèces bien caractérisées. Notre projet a pour ambition de partir directement des données de séquences de génomes complets ou incomplets, interspécifiques (échelle phylogénétique) ou intra-spécifiques (échelle populationnelle), dont la richesse en incessante augmentation contraste avec la rareté des autres types de données. Les taux de diversification des différents clades seront inférés en intégrant explicitement les multiples arbres phylogénétiques de gènes, qui ne sont pas ultramétriques et sont exprimés en temps mutationnel. Par ailleurs, nous détecterons les espèces en voie d'extinction par une approche de génomique des populations visant à estimer la réduction drastique de certaines espèces au cours des 100 dernières années. Ces deux approches complémentaires seront testées sur des espèces choisies pour lesquelles nous avons des collaborateurs experts de ces taxas. Une fois éprouvées, les méthodes seront appliquées à un ensemble plus large de données. Le projet vise à systématiser l'exploitation des données génomiques pour estimer (1) les taux de diversification des clades actuels et (2) les risques d'extinction des espèces. Exploiter les données génétiques toujours plus abondantes est un levier majeur pour changer l'échelle de ces études (e.g. 0.1% des espèces ont un statut déterminé par l'IUCN). Sur ces deux points (diversification et extinction), nous avons une expertise pré-existante. Pour (1) : A Lambert est un expert de l'inférence des taux de diversification à partir des arbres phylogénétiques ultramétriques. I Lafontaine intègre la variance des arbres de chacun des locus du génome pour caractériser la spéciation dans le clade des levures. Pour (2) : G Achaz et A Lambert ont développé une première méthode quantitative pour estimer les extinctions à partir des données de présence/absence. Pour être biologiquement réalistes et suffisamment généralistes, les modèles développés seront élaborés en sus avec plusieurs taxonomistes de divers clades au MNHN (N Puillandre, L Legall et M Eléaume) et confrontés à leurs connaissances expertes.

## **Résultats attendus**

Cette thèse devrait aboutir au développement de méthodes ayant pour but d'inférer les processus macro-évolutifs (notamment spéciation - extinction) en exploitant les données génomiques. Les résultats attendus sont donc double: (1) des méthodes généralistes permettant leur utilisation par l'ensemble de la communauté scientifiques et (2) des résultats sur certains clades \*pilotes\* qui serviront à éprouver les méthodes. Plus généralement, ce projet s'inscrit dans une thématique plus large d'un consortium naissant qui vise à automatiser les inférences macro-évolutives et à les stocker dans une base de données dédiée (ce dernier point sera plutôt une suite à cette thèse). Les inférences de probabilités d'extinction pourraient notamment être utilisées pour l'aide à la conservation.

## **Stratégie de publication**

- Article sur la méthode d'estimation des taux de diversification - Article sur la méthode d'estimation des taux d'extinction - Article sur les retombées biologiques de ces méthodes (notamment estimation du nombre d'espèces en voie d'extinction) - mise au point de logiciels et bases de données autour des estimations

## **Réorientation possible du sujet**

Le sujet étant clairement coupé en deux parties, il paraît peu probable que les deux soient des impasses. Par ailleurs, le sujet s'appuie sur un réseau collaboratif déjà existant ce qui solidifie sa faisabilité.

## **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

Année 1 - développement du modèle de diversification  
Année 2 - développement du modèle d'extinction  
Année 3 - Application aux données

## **Profil du candidat recherché**

Le candidat devra posséder des bases solides en biologie évolutive et modélisation: phylogénie, génétique des populations, modèles stochastiques et bioinformatique.

## **Taxonomie intégrative, spéciation et diversification des Turridae (Gastropoda, Conoidea)**

**Equipe :** Exploration, Espèces, Evolution

**Directeur de thèse HDR :** Sarah SAMADI

**Contact :** sarah@mnhn.fr

**Co-directeur(s) :** Nicolas PUILLANDRE

### **Descriptif du sujet de thèse**

L'isolement allopatrique résultant de barrières physiques reste le modèle canonique pour expliquer la spéciation. Pourtant dans certains habitats la combinaison des facteurs physiques de l'environnement et de traits d'histoire de vie des organismes empêchent un tel isolement. C'est par exemple le cas de nombreux organismes benthiques du milieu marin qui présentent généralement une phase larvaire dispersive à grande échelle géographique. Paradoxalement ces mêmes organismes peuvent être extrêmement diversifiés et des modalités alternatives ont été recherchées. Parmi elles l'hypothèse de spéciation par différenciation de niche écologique est discutée. Chez les Conoidea, un des groupes les plus diversifiés de gastéropodes, ce modèle est régulièrement mis en avant : la diversification des toxines produites par ces organismes venimeux leur permettent de se spécialiser pour de nouvelles proies et donc de coloniser de nouveaux habitats. La plupart des familles de Conoidea restent largement inconnues, que ce soit au niveau taxonomique ou toxinologique. Parmi elles, les Turridae sont caractérisés, relativement aux autres familles de Conoidea, par une diversité plus faible (206 espèces décrites, contre 903 pour les Conidae), une plus grande abondance permettant une meilleure estimation des diversités intra- et interspécifique et une plus grande taille facilitant le séquençage et les analyses fonctionnelles (quantité de tissu plus importante, notamment pour la glande à venin). Les objectifs de la thèse seront donc (i) de réviser la taxonomie alpha des Turridae, (ii) de proposer une phylogénie des Turridae, datée grâce au registre fossile abondant (entraînant une révision des genres, non-monophylétiques pour la plupart), (iii) de documenter la diversité morpho-fonctionnelle (protoconque, téléconque, anatomie de l'appareil venimeux), géographiques, écologiques (bathymétrie, diversité des proies par métabarcodage des contenus stomacaux) et toxinologiques (transcriptomiques des glandes à venin) (iv) d'analyser les patterns macro-évolutifs en estimant les taux de diversification et en les corrélant aux données morphologiques, géographiques, écologiques et toxinologiques. L'ensemble de ces approches visent à étayer l'hypothèse selon laquelle la spéciation résulte préférentiellement de la diversification des proies grâce à une diversification des toxines plutôt que d'une diversification selon le modèle allopatrique. L'étudiant s'appuiera sur les collections du MNHN, avec 3000 spécimens représentant plus de 150 espèces (la moitié potentiellement nouvelles), dont 2000 séquencés pour le gène COI et 800 pour le gène 28S. Lors de missions récentes des contenus stomacaux (préservés en alcool) et des glandes à venins (en RNA later) ont été prélevés sur 120 spécimens d'un complexe d'espèces de Turridae

; d'autres espèces seront collectées de la même manière lors des missions programmées dans les prochains mois par l'équipe.

### **Résultats attendus**

Les résultats attendus seront d'abord taxonomiques, avec une clarification des délimitations d'espèces au sein des Turridae, associée à des descriptions d'espèces nouvelles, et des relations phylogénétiques entre espèces, associée à une nouvelle classification générique des Turridae. Ensuite, pour quelques groupes d'espèces, l'étudiant sera amené à identifier les proies et les toxines produites par ces espèces, deux types de données inédites (excepté 2 transcriptomes disponibles) pour les Turridae. Enfin, l'objectif principal restera de déterminer les facteurs permettant la spéciation et la diversification des Turridae.

### **Stratégie de publication**

L'étudiant sera amené à participer à plusieurs congrès internationaux (Molluscan Forum, World Congress of Malacology, World Congress of the International Society on Toxinology). La stratégie de publication d'articles sera double, avec une première série d'articles taxonomiques (délimitations et descriptions d'espèces, phylogénie et classification) à destination de revues spécialisées (Journal of Molluscan Studies) ou plus généralistes (Zoologica Scripta, Molecular Phylogenetics and Evolution), suivi d'articles analysant le processus de spéciation et de diversification chez les Turridae, associées en particulier aux données écologiques (proies) et toxinologiques, en visant des revues avec un IF plus fort (Molecular Ecology, Systematic Biology).

### **Réorientation possible du sujet**

D'autres familles de Conoidea (12000 échantillons disponibles) pourront être étudiées. Les méthodes qui seront appliquées (DNA-Barcoding, RAD-seq, RNA-seq, séquençage NGS d'amplicons) ont déjà été appliquées avec succès chez les Conoidea, et ne devront pas poser problème. Cependant, si les résultats obtenus pour une ou plusieurs approches NGS ne sont pas satisfaisants, les approches plus classiques (DNA-Barcoding et phylogénie en séquençage Sanger) permettront d'obtenir des données satisfaisantes pour répondre à la question posée.

### **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

1ère année : Obtention des données taxonomiques (délimitation d'espèces, phylogénie). Analyses de taxonomie intégrative et phylogénétiques. Début de rédaction des articles taxonomiques. 2ème année : Obtention des données écologiques (séquençage des contenus stomacaux) et toxinologique (RNA-seq). Début de rédaction des articles correspondants. 3ème année, 1er semestre : Intégration et analyse des données aux niveaux spécifiques et phylogénétiques. 3ème année, 2nd semestre : rédaction.

## **Profil du candidat recherché**

Le candidat recherché sera formé aux approches de taxonomie intégrative, de la production des données (en particulier des données moléculaires) à la valorisation dans des publications taxonomiques et de biologie évolutive, en passant par des analyses de délimitation d'espèces et de phylogénie comparative. Le candidat devra s'intégrer dans une équipe de recherche, elle-même en collaboration avec plusieurs équipes internationales, notamment dans le cadre du projet CONOTAX. Le candidat devra donc montrer une volonté de travailler en équipe, une capacité à échanger et présenter ses résultats, en français ou en anglais.

## Effet de l'habitat sur les performances locomotrices chez les crustacés décapodes en milieux aquatique et terrestre

**Equipe** : Forme – Evolution – Communication (FORME)

**Directeur de thèse HDR** : Vincent Bels

**Contact** : vincent.bels@mnhn.fr

### Descriptif du sujet de thèse

Les organismes marins benthiques doivent survivre et se reproduire dans différents types d'habitats qui peuvent subir des changements très rapides. Par exemple, certaines espèces doivent régulièrement se déplacer d'une mare à une autre. D'autres doivent creuser des galeries plus ou moins temporaires à des vitesses très différentes ou encore résister à des courants de forces et directions variables. Enfin, certaines espèces doivent affronter un habitat terrestre très complexe. En définitif, toutes les espèces doivent faire face à des habitats 2D et 3D complexes. Leur comportement de prise de nourriture, de défense et de communication qui mettent en jeu l'ensemble des structures de ces organismes constitue également un challenge dans ces habitats complexes. L'ensemble des réponses à des fonctions diverses est donc lié à une grande diversité de formes du corps et des appendices chez ces crustacés, démontrant ainsi leur potentiel d'espèces modèle pour étudier les compromis entre les fonctions concurrentes. Les travaux portant sur certaines des propriétés de ces structures sont légion. Basé sur un petit nombre de modèles (à savoir, *Uca* sp., *Carcinus* sp.), un grand nombre d'études ont fourni des informations sur le contrôle moteur de la marche et les relations « forme-fonction » de différents appendices. Plus récemment, la dépense énergétique due à des adaptations à divers terrains dans certaines espèces a été abordée. Les crabes semblent être en mesure de modifier leur comportement (caractéristiques de la marche, les vitesses pas à pas, l'activité musculaire, ou une combinaison de ces paramètres) pour faire face aux changements de structure de l'habitat. L'objectif de la thèse est d'analyser, en une approche pluridisciplinaire et comparative liant morphologie, comportement et physiologie les réponses locomotrices du type **grimper** face à des obstacles standardisés chez plusieurs espèces très diversifiées à tous points de vue morphologiques, écologiques et (*Callinectes* sp., *Cancer* sp., *Cardisoma* sp., *Ebalia* sp., *Graspus* sp., *Pachygrapsus* sp., *Guinotia* sp., et *Ucides* sp.). Cette réponse qui met en jeu l'ensemble des organismes doit changer non seulement en fonction de leurs différentes formes, mais présenter des effets contrastés au cours de la croissance chez chaque espèce. L'approche empirique sera basée sur une étude morphométrique du corps et des appendices (variation de la structure) des espèces sélectionnées avec différentes caractéristiques écologiques le long de leur croissance. Face à divers obstacles standardisés (différentes hauteurs et complexité en termes d'étapes successives) et des conceptions de surfaces (lisse vs rigide) à différentes tailles (âges) fournit des outils expérimentaux (variation de la performance) pour mesurer les performances et la plasticité du comportement locomoteur (variation du comportement) qui joue un rôle clé dans le succès des espèces.

## Résultats attendus

Le travail expérimental comparatif servira de base pour l'évaluation de la sélection de l'habitat par différentes espèces chez les crabes (espèces endémiques et envahissantes) et permettra de comprendre le potentiel invasif des habitats benthiques complexes par certaines espèces. L'étude de terrain permettra de comparer et valider les données expérimentales dans les habitats naturels. En conclusion, cette thèse fournira une étude évolutive pour révéler comment les différents aspects du phénotype (morphologie, comportement) et leur plasticité sont intégrés afin de répondre aux contraintes environnementales et mettre ainsi en évidence la complexité de l'adaptation au niveau organisme entier et ses limites fonctionnelles.

## Stratégie de publication

Année 2 : Articles morphométries et biomécanique/cinématique sur le comportement de grimper chez les décapodes

Année 3 : Article de synthèse (aspect comparatif et évolutif)

## Réorientation possible du sujet

Non nécessaires (matériel vivant et matériel expérimental disponibles, mesures sur le terrain au pied de la station CRESCO - Dinard)

## Faisabilité du 3 ans (échancier)

Année 1 : Travail expérimental et de terrain (cette action peut commencer immédiatement : laboratoire disponible, batteries d'aquarium en place, matériel d'acquisition et de traitement de données disponible) – disponibilité des techniques d'acquisition vidéo et morphométrie.

Année 2 : Analyses, traitement et publications morphométrie, biomécanique/cinématique

Année 3 :

- Début année article de synthèse (aspect comparatif)
- Fin d'année : rédaction de la thèse

Remarque : le matériel vivant n'est pas pris en compte par les différentes législations (agrément animalerie et comité d'éthique).

## Profil du candidat recherché

Biologie des organismes (spécialisé en anatomie comparée et fonctionnelle, éventuellement) et spécialisé dans le milieu marin (aspect secondaire)

**UMR 7245 - Molécules de Communication et Adaptation  
des Micro-organismes (MCAM)**

## **Peptides riches en cystéines d'origine bactérienne : distribution, chimiodiversité et rôle dans les compétitions microbiennes**

**Equipe :** Molécules de Défense et de Communication dans les Ecosystèmes Microbiens (MDCEM)

**Directeur de thèse HDR :** Séverine ZIRAH

**Contact :** szirah@mnhn.fr

**Co-directeur(s) :** Yanyan LI

### **Descriptif du sujet de thèse**

Les peptides riches en cystéines sont des produits naturels de nature peptidique possédant une structure compacte stabilisée par des ponts disulfure [1]. Ces peptides sont très répandus chez les métazoaires où ils jouent un rôle majeur dans les processus de signalisation cellulaire, de défense (peptides antimicrobiens, toxines) et/ou dans les interactions avec les organismes associés (notamment dans la symbiose des plantes avec les bactéries fixatrices d'azote). La formation du réseau de ponts disulfure correctement appariés conduit à l'acquisition de la structure native du peptide, cruciale pour sa stabilité et son activité. Chez les bactéries, très peu de peptides riches en cystéines ont été décrits. Toutefois, l'exploration des génomes bactériens suggère que ces peptides seraient distribués dans différents phyla, en particulier chez les Protéobactéries et les Actinobactéries. Notre équipe a développé des approches de peptidogénomique : exploration de génomes couplée à l'acquisition de profils peptidiques par chromatographie liquide – spectrométrie de masse (LC-MS), conduisant à la découverte d'un peptide antibactérien riche en cystéines de structure entrelacée : la svicéucine [2]. Récemment, nous avons identifié un ensemble de clusters de biosynthèse de peptides riches en cystéines (6 à 8 Cys) qui forme une famille à ce jour inconnue. Le projet de thèse consistera à utiliser les méthodes de peptidogénomique maîtrisées dans l'équipe pour caractériser cette nouvelle famille de peptides bactériens riches en cystéines et à examiner le rôle de ces peptides dans les compétitions microbiennes. Les profils peptidiques seront générés par LC-MS sur les extraits de 10 à 20 souches portant les clusters de biosynthèse d'intérêt, cultivées dans différentes conditions. Ces profils seront complétés par la méthode novatrice de réseaux moléculaires, qui permet de regrouper les molécules détectées par familles chimiques sur la base des profils de fragmentation des composés détectés, ce qui pour les peptides permet de mettre en évidence des intermédiaires de biosyntheses ou des formes modifiées [3,4]. Une sélection de peptides sera caractérisée plus précisément en termes de structure (appariement des ponts disulfure / structure tridimensionnelle) et d'activité antimicrobienne. Ce projet conduira à mieux connaître la chimiodiversité et le rôle dans les interactions microbiennes des peptides bactériens riches en cystéines. Références : 1. Gongora-Benitez M et al., Chem Rev 114: 901-926 (2014) 2. Li Y et al., ACS Chem. Biol. 10: 2641-2649 (2015) 3. Liu WT et al., J. Antibiot. 67: 99-104 (2014) 4. Mohimani H et al., Nat Prod Rep 33: 73-86 (2015)

## Résultats attendus

(1) Exploration de génomes -> Distribution des clusters de biosynthèse des peptides riches en cystéines chez les bactéries. (2) Profils peptidiques et réseaux moléculaires par LC-MS -> Mise en évidence de la diversité chimique des peptides riches en cystéines bactériens. (3) Analyse structurale des peptides identifiés : (a) réductions / alkylations partielles et fragmentations des ions selon différents modes d'activation -> Caractérisation de l'appariement des ponts disulfure, (b) résonance magnétique nucléaire (RMN) sur une sélection de peptides purifiés (1 à 3) -> structures tridimensionnelles des peptides. (4) Spectres d'activité antimicrobienne des peptides -> Caractérisation du rôle de ces peptides dans les compétitions microbiennes.

## Stratégie de publication

Nous prévoyons un article consacré à l'approche peptidogénomique appliquée aux peptides riches en cystéines d'origine bactérienne et un ou deux consacré(s) à l'élucidation structurale et à l'activité biologique de peptides ciblés. Les méthodes analytiques développées pour déterminer l'appariement des ponts disulfure des peptides devraient également conduire à la production d'une publication.

## Réorientation possible du sujet

La peptidogénomique appliquée à une autre classe de peptides (peptides lasso) nous a permis d'identifier 6 nouveaux peptides, dont 1 a conduit à une publication et 4 font l'objet d'un article en préparation. Ceci montre la faisabilité de l'approche et garantit la possibilité de réaliser des études structurales sur les nouveaux peptides lasso identifiés si des difficultés sont rencontrées avec les peptides riches en cystéines. Le projet pourra être orienté plutôt vers les approches globales de réseaux moléculaires (applicables sur des extraits bruts) ou plutôt vers les analyses structurales approfondies (appariement des ponts disulfure et/ou structures 3D issues de données de RMN : applicables respectivement à des peptides partiellement purifiés ou purs) en fonction de la nature des peptides détectés et de la capacité à les isoler.

## Faisabilité du 3 ans (échancier)

Mois 1 à 8 : Exploration de génomes et sélection de souches d'intérêt pour la production de peptides riches en cystéines. Cultures bactériennes et profils peptidiques des extraits bactériens par LC-MS. Mois 8 à 12 : Utilisation des réseaux moléculaires sur les données LC-MS. Développement de méthodes analytiques pour la caractérisation de l'appariement des ponts disulfure (sur extraits bruts ou peptides partiellement purifiés). Mois 13 à 18 : Production et isolement d'une sélection de peptides. Etudes structurales par RMN et spectres d'activité antimicrobienne. Mois 18 à 24 : Rédaction de l'article 1 (peptidogénomique des peptides riches en cystéines). Etudes structurales approfondies par RMN et mesures d'activité antimicrobienne. Mois 25 à 34 : Finalisation des expériences. Rédaction d'articles (2 à priori) et du manuscrit de thèse.

### **Profil du candidat recherché**

Le candidat devra justifier d'un Master en chimie ou biochimie, avec une expérience en chimie analytique (spectrométrie de masse et/ou RMN). Une expérience en microbiologie ou en bioinformatique serait appréciée.

## **Use of functional diversity frameworks as a tool to predict aquatic ecosystem response to human impacts / Diversité fonctionnelle et prédiction de la réponse des écosystèmes aquatiques aux pressions anthropiques**

**Equipe :** Equipe "Cyanobactéries, cyanotoxines et environnement" (CCE)

**Directeur de thèse HDR :** Cécile Bernard

**Contact :** cbernard@mnhn.fr

**Co-directeur(s) :** Arnaud CATHERINE

### **Descriptif du sujet de thèse**

Les milieux aquatiques continentaux supportent une diversité de services écosystémiques et constituent des systèmes écologiques particulièrement sensibles face aux pressions environnementales d'origine humaine. L'augmentation des flux de nutriments (i.e. eutrophisation) atteignant ces écosystèmes impacte de manière drastique la structure et le fonctionnement des communautés biologiques. Au sein des lacs et étangs, une conséquence majeure de ces perturbations s'illustre par la présence de plus en plus fréquente d'efflorescences à cyanobactéries. Ces efflorescences ont des conséquences drastiques sur le fonctionnement des écosystèmes aquatiques (e.g. réduction de la diversité, impasse trophique) et posent des risques pour la santé animale et humaine en raison de leur capacité à produire des métabolites toxiques (e.g. microcystines). Cependant, bien qu'un grand nombre d'études aient été menées afin de comprendre les facteurs à l'origine de ces proliférations, notre capacité à anticiper ces perturbations majeures du fonctionnement des écosystèmes aquatiques, ainsi que la réponse des communautés phytoplanctoniques, par des modèles prédictifs performants reste limitée. A travers une étude des plans d'eau de la région Ile-de-France, nous avons récemment pu mettre en évidence le caractère prépondérant des processus de filtres environnementaux dans la structuration spatiale des méta-communautés de phytoplancton à l'échelle de cette région (Maloufi et al. 2016). Cette observation suggère que la prise en compte des caractéristiques fonctionnelles des espèces phytoplanctoniques, et notamment des cyanobactéries, est essentielle dans le développement de modèles prédictifs applicables à la gestion des milieux aquatiques péri-urbains. Afin de développer de tels modèles, ce projet de thèse visera tout d'abord à constituer une base de données de traits fonctionnels qualitatifs (e.g. pigments photosynthétiques, mobilité, mode trophique etc.) et quantitatifs (e.g. taux de croissance maximum, optimums de température et de lumière,  $K_s$ ,  $V_{max}$  et  $Q_{min}$  pour les différents nutriments etc.). Cette étape permettra une avancée significative par rapport aux approches existantes essentiellement basée sur des caractéristiques morphologiques. Par la suite, nous utiliserons les bases de données disponibles sur 50 lacs localisés en région Ile-de-France (une région contrastée en termes de pressions anthropiques) et alimentée depuis près de 10 ans afin de modéliser l'impact des pressions anthropiques sur (i) la structuration taxinomique et fonctionnelle des

communautés phytoplanctoniques et (ii) sur des indicateurs de fonctionnement de ces écosystèmes (productivité, efficacité d'utilisation des ressources etc.).

### **Résultats attendus**

- Développer une base de données des traits fonctionnels du phytoplancton, - Evaluer la convergence des traits fonctionnels entre eux et en fonction de critères morphologiques et phylogénétiques, - Développer une classification fonctionnelle « objective » basée sur des traits physiologiques quantitatifs, - Caractériser les spécificités fonctionnelles des espèces de cyanobactéries formant des efflorescences susceptibles d'expliquer leur succès écologique, - Caractériser la structuration fonctionnelle des communautés phytoplanctoniques en relation avec des indicateurs de pressions anthropiques (e.g. contaminants), - Evaluer les liens entre diversité taxinomique et fonctionnelle versus indicateurs de fonctionnement des écosystèmes, - Développer des modèles prédictifs de fonctionnement des écosystèmes et de la prolifération des cyanobactéries

### **Stratégie de publication**

La base de données des traits fonctionnels constituera un outil précieux et sera rendue disponible via la publication d'un « data paper » dans la revue Ecology. Ce projet de thèse reposera sur un jeu de données disponibles et offrira de bonnes perspectives de valorisation, incluant : - une étude de la convergence fonctionnelle au sein du phytoplancton - un article méthodologique de comparaison des approches de classification fonctionnelle existantes (Reynolds et morpho-fonctionnelle) avec notre approche - une évaluation des caractéristiques fonctionnelles des cyanobactéries susceptibles d'expliquer leur succès écologique - deux articles sur le développement de modèles prédictifs de l'impact des pressions anthropiques sur la structure des communautés phytoplanctoniques et le fonctionnement des milieux aquatiques périurbains.

### **Réorientation possible du sujet**

Ce projet de thèse fait suite à deux programmes de recherche nationaux (ANR SEST Cyanotox 2006-2009 et ANR CEP&S PULSE 2010-2015) ayant permis développer l'expertise d'un réseau de laboratoires dans l'étude des milieux aquatiques péri-urbain et de développer une base de données extensive selon un plan d'échantillonnage rigoureux. Les collaborations en cours et l'étendue et la qualité de ce jeu de données limitent grandement les risques d'échecs du projet. Un risque potentiel réside dans l'impossibilité d'extrapoler les caractéristiques fonctionnelles de certaines espèces. Dans ce cas, il est envisagé de travailler au niveau du genre ou encore d'utiliser les approches fonctionnelles alternatives basées essentiellement sur des traits morphologiques.

### **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

Une base de données des traits fonctionnels est en cours de production dans le cadre d'un stage de master II. Les 4 premiers mois de la thèse seront dédiés la finalisation de cette base. 6 mois seront consacrés à l'étude de la convergence fonctionnelle au

sein du phytoplancton. 4 mois seront consacrés à la comparaison des différentes méthodes de classification fonctionnelle. 4 mois seront consacrés à l'étude des spécificités fonctionnelles des cyanobactéries. 14 mois seront dédiés au développement de modèles prédictifs de l'impact des pressions anthropiques sur la structure des communautés phytoplanctoniques et le fonctionnement des milieux aquatiques périurbains. Les quatre derniers mois seront consacrés à la finalisation des actions de valorisation et à la rédaction du manuscrit de thèse.

### **Profil du candidat recherché**

Le(a) candidat(e) aura de solides connaissances des processus impliqués dans le fonctionnement des écosystèmes aquatiques et préférentiellement une spécialisation en écologie microbienne. De bonnes connaissances en écologie générale et une maîtrise a minima de R est indispensable.

## **UMR 7194 - Histoire naturelle de l'homme préhistorique**

## **Approche techno-culturelle de la fracturation des os longs chez les Néandertaliens (Sud-Ouest de l'Europe, MIS 5-3) : une systématisation des gestes ?**

**Equipe :** Les Hominidès au Quaternaire

**Directeur de thèse HDR :** Marie-élène MONCEL

**Contact :** moncel@mnhn.fr

**Co-directeur(s) :** Marta Arzarello , Camille Daujeard, Ursula Thun Hohenstein

### **Descriptif du sujet de thèse**

Sujet hors quota. Demande de subventions à la filière des industries de la viande. Aux environs de 400 ka, en Europe et au Proche-Orient, plusieurs sites attestent de l'émergence de nouvelles stratégies de subsistance (chasse et boucherie) à mettre en parallèle avec d'autres innovations primordiales comme l'usage courant du feu ou le développement du débitage Levallois. Dans ce contexte, ce projet doctoral a pour principal objectif la recherche de traditions culturelles dans le cadre des pratiques bouchères chez Néandertal. A partir de l'étude de la fracturation des os longs pour la moelle (emplacement des points de percussion), nous souhaitons identifier des groupes culturels sur la base des traditions bouchères, impliquant dès le Paléolithique moyen la transmission des savoir-faire et une éventuelle spécialisation des tâches. Grâce à l'étude archéozoologique des vestiges fauniques et plus spécifiquement des marques de percussion de sites du Paléolithique Moyen du Sud-Est de la France et du Nord de l'Italie, nous souhaitons tester l'hypothèse de l'existence de traditions bouchères néandertaliennes distinctes à l'échelle européenne et si possible situer chronologiquement leur apparition. Ce projet s'attachera aussi à comprendre l'impact qu'a pu avoir le climat, l'environnement ou encore la fonction des sites sur l'apparition et la mise en place de traditions bouchères spécifiques au sein d'un groupe. Enfin, grâce à des expérimentations, nous prendrons en compte l'influence de l'expérience et des espèces découpées sur les techniques et les gestes observés. L'appréhension des traditions néandertaliennes sur la base du registre osseux est encore très peu développée. En Espagne, les travaux de Blasco et al. dans le site de Bolomor-IV (MIS 5), ont initié ce type d'approche encore inédite. Pour le reste de l'Europe, l'Abri du Maras (France) est pour l'instant le seul site néandertalien à en avoir fait l'objet (Vettese Master MNHN, 2014). Nous souhaitons élargir les comparaisons grâce à l'étude de quatre sites néandertaliens du Sud de l'Europe (Sud-Est de la France et Nord de l'Italie). Dans cette optique, une co-direction entre le MNHN et l'Université de Ferrare apportera les bases nécessaires à cette approche croisant technologie et culture. Enfin, l'approche expérimentale est souhaitée en collaboration avec l'IPHES de Tarragone (Caceres), renforçant ainsi les relations avec les partenaires européens. Le sujet proposé est hautement novateur et se situe au centre des problématiques développées par le laboratoire HNHP (UMR 7194) du Muséum.

## **Résultats attendus**

Grâce à une base de données archéologiques et expérimentales élargie, cette recherche apportera de nouvelles connaissances sur l'alimentation des Néandertaliens, en grande partie carnée, et sur son contexte socio-culturel et cognitif : dextérité, systématisation des gestes, apprentissage, transmission intergénérationnelle, spécialisation des tâches, etc.

## **Stratégie de publication**

Des articles sont attendus dans des revues spécialisées internationales de rang A, axés sur les stratégies bouchères des néandertaliens dans les sites étudiés (données inédites) et sur une éventuelle systématisation des gestes observée à partir du registre osseux (comparaison des résultats expérimentaux et archéologiques grâce aux analyses de correspondance – logiciel R).

## **Réorientation possible du sujet**

Risque réduit : disponibilité du matériel, utilisation du logiciel R, expériences en expérimentations et en publications en anglais, bonne pratique des langues). Acquis méthodologiques répondant au besoin éventuel de réorientation en archéozoologie.

## **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

L'ensemble du matériel faunique est disponible pour l'étude et les laboratoires offriront l'accès aux plateformes techniques (stéréo-microscopes, collections de comparaison) : - 1ère année : Etude du matériel de l'Abri du Maras et de Saint Marcel (MNHN et Musée d'Ornac, Ardèche); un mois de mission de terrain en France; publication d'articles et de chapitres d'ouvrages (rapport SRA Abri du Maras) ; - 2ème année : six mois d'étude du matériel de Abri Tagliente et de la Ciota Ciara (Université de Ferrare); un mois de mission de terrain en Italie ; trois mois d'expérimentation en Espagne et de traitement statistique des données ; publication d'articles ; - 3ème année : rédaction de la thèse ; publication d'articles ; participation à des colloques.

## **Profil du candidat recherché**

Etudiant ayant déjà mené une analyse archéozoologique/taphonomique de séries fauniques (mésofaune et grande faune) du Paléolithique moyen et ayant acquis les compétences de base pour ces disciplines. Expérience requise en archéologie expérimentale.

## **Analyses taphonomiques de sites plio-pléistocènes d'Afrique du Sud : implications pour l'étude des comportements de subsistance des homininés**

**Equipe :** Comportements des Néandertaliens et des Hommes anatomiquement modernes replacés dans leur contexte paléoécologique

**Directeur de thèse HDR :** Marylène Patou-Mathis

**Contact :** patmath@mnhn.fr

**Co-directeur(s) :** Sandrine Prat , Stéphane Péan

### **Descriptif du sujet de thèse**

Depuis les années 1950, deux questions majeures concernant les comportements des homininés anciens d'Afrique du Sud, entre 3 et 1,5 millions d'années, sont débattues : d'une part les modalités de traitement des ressources animales, et, d'autre part, l'utilisation de l'os comme support d'outils. Les représentants du genre Homo ont longtemps été considérés comme les seuls à présenter un régime alimentaire omnivore et à produire des artefacts. Cependant, les travaux récents montrent que les Paranthropes auraient eu une alimentation diversifiée, et non essentiellement végétarienne, et qu'ils auraient utilisé des ossements comme outils. Les objectifs sont : - l'identification du rôle des Paranthropes parmi les agents taphonomiques responsables de l'origine et l'histoire des accumulations osseuses de grands mammifères en Afrique du Sud au Plio-Pléistocène ; - la caractérisation des modalités de traitement des grands mammifères, notamment par l'application de critères d'identification des marques de découpe et de fracturation intentionnelle, et la réévaluation des pièces en matières dures d'origine animale interprétées comme outils. Des analyses archéozoologiques et des traitements SIG seront menés sur des assemblages osseux des sites de Cooper's et Gondolin, en comparaison avec les données de celui de Swartkrans. En outre, des expérimentations taphonomiques seront entreprises. Le projet contribuera ainsi à une meilleure connaissance des comportements de subsistance des homininés africains du Pléistocène inférieur. Le sujet, très novateur, se situe à l'interface de disciplines développées au sein de l'UMR 7194. Au croisement de l'archéozoologie et de la paléoanthropologie, il participera au développement de l'Evolutionary Anthropology, champ disciplinaire encore peu développé en France. Il s'inscrit dans un débat international plus large sur les artisans à l'origine de la production d'outillage lithique et osseux (Australopithèques, Paranthropes ou Homo) et des concepts d'homínisation. Ce sujet fait également écho aux recherches internationales en taphonomie (M. Patou-Mathis et C. Denys), notamment expérimentale (M. Dominguez-Rodrigo). Il enrichira les collections taphonomiques de comparaison du Muséum national d'Histoire naturelle. En outre, ce projet renforcera les collaborations franco-sudafricaines, en particulier avec l'Université de Witwatersrand et les responsables des sites et collections.

## **Résultats attendus**

Les résultats permettront de : mieux comprendre l'identité des agents accumulateurs des assemblages osseux de grands mammifères dans les sites pléistocènes sud-africains ; établir un protocole expérimental standardisé afin de référencer les critères d'identification des agents taphonomiques modificateurs ; documenter le rôle des ressources animales dans le régime alimentaire des Paranthropes (comparaison aux résultats d'analyses isotopiques et de micro-usure dentaire) et dans leurs comportements techniques.

## **Stratégie de publication**

Les résultats feront l'objet d'au moins 3 articles dans des revues internationales : Journal of Human Evolution, Journal of Archaeological Science, South African Journal of Science, CR Palevol. Ils seront également présentés lors de colloques et congrès internationaux : International Council for Archaeozoology, European Society for the study of Human Evolution.

## **Réorientation possible du sujet**

Le risque de réorientation est réduit du fait de la stabilité géopolitique de l'Afrique du Sud. Les autorisations d'étude des matériels sont déjà obtenues. Si besoin, les prérequis méthodologiques nécessaires à la réalisation de ce projet doctoral permettront de réorienter le sujet vers l'analyse d'autres assemblages fauniques.

## **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

Année 1 : - Etude archéozoologique – détermination taxinomique et anatomique, études taphonomiques –, du matériel faunique de Cooper's (~15 000 restes) à l'Université Witwatersrand (Evolutionary Studies Institute) de Johannesburg, 6 mois - Recherche bibliographique sur le contexte archéologique, paléoécologique et paléoanthropologique des sites plio-pléistocènes sud-africains, sur la problématique du sujet et les méthodes nécessaires à sa réalisation  
Année 2 : - Expérimentation taphonomique : boucherie, fracturation, piétinement, rongement par les carnivores - Etude archéozoologique du matériel faunique de Cooper's et de Gondolin à l'Université Witwatersrand, 6 mois - Traitement des données et comparaison avec celles du site de Swartkrans - 2 publications et communications en congrès  
Année 3 : - Rédaction - 1 publication - Dépôt en juin

## **Profil du candidat recherché**

Maîtrise des méthodes utilisées en archéozoologie – détermination anatomique et taxinomique, étude taphonomique macro- et microscopique –, connaissance des hominins anciens et pratique des outils statistiques et de spatialisation des données.

## **Chronologie des peuplements au Pléistocène supérieur en Afrique du nord après le dernier interglaciaire**

**Equipe :** Paysages, Hommes, Archives sédimentaires, Matériaux de la Préhistoire

**Directeur de thèse HDR :** Christophe FALGUERES

**Contact :** falguere@mnhn.fr

**Co-directeur(s) :** Roland NESPOULET

### **Descriptif du sujet de thèse**

La période contemporaine des stades isotopiques 5 à 2 est essentielle pour la connaissance des origines et de la dispersion de l'Homme moderne. En Afrique du nord, les peuplements humains, ainsi que leurs contextes paléoenvironnementaux, demeurent encore mal connus. Cette période coïncide avec la fin de l'Atérien (Middle Stone Age, MSA) et le début de l'Ibéromaurusien (Later Stone Age, LSA) et cette phase de transition suscite un intérêt grandissant. Les raisons de cette méconnaissance sont multiples : faiblesse des enregistrements sédimentaires archéologiques documentant cette période, rareté des études récentes sur les données paléoenvironnementales, difficultés à caractériser les comportements humains et les cultures associées durant cette période. Toutefois, les séquences sédimentaires, ainsi que des proxies pertinents permettant de caractériser les paléoenvironnements, existent. C'est le cas des dépôts carbonatés continentaux tels que les formations travertineuses, nombreuses au Maghreb. Pour les périodes les plus récentes, il sera essentiel de réaliser du radiocarbone pour la crédibilité des résultats obtenus par les autres méthodes. Ce sujet propose l'établissement d'une chronologie radiométrique précise par la multiplication et le croisement de datations sur des séquences sédimentaires archéologiques et/ou naturelles afin d'établir un canevas chronologique fiable qui servira de base aux scénarios des variations environnementales et culturelles sur cette période-clé du Pléistocène supérieur au Maghreb.

### **Résultats attendus**

Contraindre la limite Atérien-Ibéromaurusien sur plusieurs sites du Maroc. En effet la période atérienne est d'une importance cruciale pour la compréhension de la succession des cultures de l'Homme anatomiquement moderne au Maghreb. Les sites de référence internationale fouillés par notre équipe présentent cette phase de transition, qui devra être étudiée avec une grande rigueur d'un point de vue chronologique par plusieurs méthodes de datation.

La comparaison avec la chronologie de sites pléistocènes supérieur au Maghreb qui ont livré des outillages atériens permettra de voir s'il existe une période de temporalité commune pour les différentes régions étudiées. Cette étude, qui est au cœur de la relation entre les comportements de l'Homme anatomiquement moderne et les contraintes paléoenvironnementales, doit apporter des résultats importants sur la période atérienne dont les limites sont encore mal définies.

## **Stratégie de publication**

La publication d'au moins deux articles dans des revues internationales est attendue : 1) un article de synthèse de la chronologie des différents sites étudiés afin de mieux contraindre l'apparition des différentes cultures. 2) un article plus méthodologique concernant le croisement des méthodes sera publié dans une revue du type Quaternary Geochronology

## **Réorientation possible du sujet**

Risque réduit (disponibilité du matériel) dans la mesure où les collègues marocains sont favorables à ce travail de doctorat. Plusieurs analyses déjà effectuées montrent que la faisabilité du travail est bonne et que les échantillons considérés sont datables.

## **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

Les échantillons analysés par ESR/U-Th combiné et U-Th peuvent être sélectionnés rapidement en collaboration avec les collègues marocains. -Septembre 2016-mai 2018 sera consacrée à la prise d'échantillons et mesures de dosimétrie sur le terrain. Les protocoles d'analyse seront définis et la préparation de tous les échantillons en laboratoire effectuée. Une grande partie des analyses sera faite. -Juin à décembre 2018 : Vérification et interprétation des résultats avec possibilité de vérification sur le terrain dans le courant de l'été 2018. -Janvier 2019-Septembre 2019 : cette période sera consacrée à la rédaction et à la publication des résultats.

## **Profil du candidat recherché**

Etudiant ayant une connaissance des méthodes de datations radiométriques et ayant une bonne expérience sur le terrain dans le domaine des fouilles mais aussi de la géologie du Quaternaire.

## **Besoins énergétiques et mobilité des Néandertaliens. Approche croisée anatomo-fonctionnelle et archéologique**

**Equipe :** Dynamique des peuplements humains

**Directeur de thèse HDR :** Gilles BERILLON

**Contact :** gilles.berillon@mnhn.fr

**Co-directeur(s) :** Christine VERNA

### **Descriptif du sujet de thèse**

Les déplacements sont des éléments clés de l'adaptation à l'environnement des chasseurs-collecteurs, de même que la balance apports nutritionnels/coûts énergétiques pour l'acquisition des ressources est déterminant dans la dynamique des populations. Les besoins énergétiques des Néandertaliens, chasseurs-collecteurs disparus vers 35-40 ka, sont estimés entre 3-5000 kcal/j et 4-6000 kcal/j. Ces valeurs, utilisées dans de multiples débats (extinction de l'espèce,...) sont établies à partir de l'estimation de la masse corporelle et reposent sur deux hypothèses : un mode de vie impliquant un travail physique intense et un niveau d'activité physique au moins égal aux maxima des humains actuels. Pourtant d'un point de vue anatomo-fonctionnel il est connu qu'entre autres, la distribution des masses et la physiologie articulaire (cf chez les néandertaliens) influencent le coût du déplacement bipède, vue comme une composante majeure des activités quotidiennes des chasseurs-collecteurs. Nous proposons par le biais d'une approche pluridisciplinaire : - de réévaluer les besoins énergétiques liés aux déplacements des Néandertaliens par le biais d'une modélisation de leur locomotion, et statistique exploitant un vaste corpus de données anatomo-fonctionnelles, - de confronter ces résultats à ceux des modèles établis à partir des données archéologiques (archéozoologiques, distances d'approvisionnement en matière première, etc.) - afin de discuter les stratégies territoriales des Néandertaliens en relation avec les caractéristiques de leur environnement. Il s'agira donc d'apporter un éclairage inédit (1) méthodologique sur les besoins énergétiques des groupes humains passés, et des néandertaliens en particulier par le biais des particularités morphologiques du squelette locomoteur et de leurs empreintes de pas ; (2) sur la mobilité des néandertaliens par la confrontation des besoins énergétiques liés au déplacement estimés à partir de l'anatomie (capacités de déplacements) aux données issues du terrain (composition du groupe, zones d'approvisionnement en matière première, composition de l'assemblage faunique, etc.). Les travaux reposeront sur un tissu collaboratif international et pluridisciplinaire en place et l'utilisation d'outil de modélisation mécanique du déplacement bipède développé par l'équipe, un plateau technique d'étude du mouvement pour les nécessaires expérimentations, et une forte implantation sur le terrain archéo-préhistorique. Il s'intégrera aux thèmes principaux de l'UMR7194 et de l'équipe 1 Dynamique des Peuplements humains en particulier.

## **Résultats attendus**

Nous attendons une large contribution inédite sur (1) l'estimation du coût des composantes de déplacement bipède (marche, course, transport) en fonction de différents schémas de distribution des masses (selon l'âge et le sexe) et de la physiologie articulaire propre des néandertaliens (architecture et amplitudes articulaires). L'accent sera mis sur la variabilité morphologique de ce groupe et les variations morphologiques liées à l'âge. Pour chacun de ces aspects une contribution originale est attendue. (2) La connaissance de la dynamique de la marche des néandertaliens par le biais d'une étude expérimentale d'empreintes de pas d'enfants et d'adultes néandertaliens inédites (Le Rozel, Manche) ; l'analyse expérimentale (fonction des substrats, masses, etc.) et l'interprétation des empreintes constitueront 2 contributions inédites.

## **Stratégie de publication**

Ces travaux de recherches qui s'inscrivent dans une approche pluridisciplinaire de l'énergétique des hommes fossiles, vise des revues relevant de plusieurs domaines scientifiques complémentaires. Par catégories les résultats fonctionnels seront soumis aux revues indexées en anthropologie évolutionnaire (Am J Phys Anthropol, J Biom, J Hum Evol) et en biomécanique (J Biomech). Les résultats de la confrontation des données anatomo-fonctionnelles et archéologiques seront soumis à une revue fondamentale (Evolutionary Anthropology). Enfin, certains des résultats propres à l'étude des empreintes néandertaliennes du Rozel s'intégreront dans la publication de l'équipe pluridisciplinaire qui étudie le site et soumis à une revue à forte visibilité (Nature).

## **Réorientation possible du sujet**

Le sujet repose sur l'approche anatomo-fonctionnelle par la modélisation du mouvement et sur la démarche expérimentale. Si en cours de thèse certains aspects s'avéraient infructueux, une approche complémentaire statistique sera menée.

## **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

La faisabilité repose sur : - la disponibilité des outils nécessaires : 1) de modélisation du déplacement bipède validé pour les espèces actuelles (homme, autres primates) et fossiles, 2) d'exploration fonctionnelle du mouvement (Plateau technique), 3) d'imagerie 3D et de statistiques ; - un cadre collaboratif pluridisciplinaire international en place - un accès privilégié aux fossiles (MNHN et institutions d'Europe et Proche-Orient), et aux empreintes de pas (Rozel) en tant que membre de l'équipe de fouille ; Echancier : 2016/17, Adaptation de l'outil de modélisation et tests ; 2017-18, Locomotion des néandertaliens : de l'exploration fonctionnelle de la locomotion au besoin énergétique ; 2018-19, Synthèse des résultats anatomo-fonctionnels, confrontation aux données archéologiques, soutenance.

## **Profil du candidat recherché**

Le candidat devra être formé en Préhistoire et évolution de l'Homme, et en anatomie-fonctionnelle. Il devra avoir une très bonne connaissance en anatomie du squelette locomoteur, une bonne maîtrise des outils d'analyse, et une expérience en modélisation mécanique du mouvement et en travaux de terrain est requise.

## **Intégration de la morphologie crânienne et de la composition osseuse interne au cours de l'évolution du genre Homo**

**Equipe** : Les hominidés au Quaternaire, milieux et comportements

**Directeur de thèse HDR** : Antoine BALZEAU

**Contact** : abalzeau@mnhn.fr

**Co-directeur(s)** : Valery Zeitoun, Jacques Cuisin

### **Descriptif du sujet de thèse**

Le crâne est au centre des recherches paléanthropologiques puisque ce sont surtout ses caractères qui permettent de distinguer les espèces au sein des hominins. Parmi les données disponibles, même pour les spécimens fragmentaires, l'épaisseur de l'os crânien est un sujet d'intérêt dans la littérature médicale et qui a été utilisé pour caractériser l'espèce Homo erectus ou les néandertaliens. Toutefois, un bilan objectif montre que les données factuelles sont rares et limitées. L'étude de l'épaisseur crânienne et de sa constitution interne pose de nombreux problèmes méthodologiques. L'utilisation de l'imagerie à rayons X et la mise en place de protocoles analytiques pour dépasser l'acquisition de mesures uniques et autorisant la caractérisation des nombreuses informations contenues dans la forme, l'épaisseur et la composition de l'os (table interne, diploé et table externe) restent un champ d'exploration. En effet, il n'existe pas de travaux d'envergure et précis, aussi bien dans la littérature médicale que paléanthropologique. Une approche permettant d'aborder l'évolution des structures crâniennes internes des hominins dans sa globalité reste inédite. Il s'agira d'apprécier l'évolution générale du crâne en relation avec ses structures internes via l'étude complète de ces dernières. Ainsi, l'analyse conjointe et intégrée de données exo- (crâne) et intra- (structures osseuses) crâniennes par des analyses morphologiques et morphométriques (notamment de morphométrie géométrique) sera conduite sur plusieurs taxons. Deux principales problématiques seront abordées. La première apportera des informations originales sur les détails des caractéristiques anatomiques de la voûte crânienne chez les hominins dans la perspective d'identifier de nouveaux traits potentiellement diagnostiques pour les espèces étudiées. La seconde portera sur des données complémentaires obtenues sur la forme du crâne et sa structuration interne, analysées conjointement pour la première fois, dans le but de mieux comprendre les processus d'évolution du crâne chez les hominins. Objectifs et apports du projet à ces problématiques Ils sont de deux ordres puisqu'ils concernent à la fois le pattern et le process évolutifs des hominins. Il s'agira ainsi de : caractériser l'épaisseur du crâne et sa constitution interne en particulier chez H. erectus, H. neanderthalensis et H. sapiens pour mieux définir ces espèces ; déterminer de nouvelles clés de reconnaissance tant pour leur position anatomique que pour leur attribution taxinomique afin d'identifier des restes crâniens fragmentaires mais également de mieux comprendre la mise en place des caractères crâniens au cours de l'évolution des hominins.

## Résultats attendus

Le matériel comprendra des fossiles du genre Homo : H. erectus asiatiques, H. neanderthalensis en Europe (>20), comparés à H. sapiens fossiles et actuels (100) ; et des primates non-humains actuels. Les analyses réalisées permettront d'aborder la covariation de l'évolution du crâne et de ses structures internes. Ces résultats sont essentiels dans la discussion sur la définition et l'évolution des espèces du genre Homo étudiées. L'apport de tels éléments complétera la diagnose de plusieurs espèces du genre Homo, ce qui constitue un point essentiel pour discuter et comprendre la structure et les mécanismes de l'évolution au sein des hominidés. Notre matériel d'étude permet également d'attendre des résultats globaux sur les modalités évolutives des hominidés et sur la compréhension de l'intégration morphologique du crâne.

## Stratégie de publication

Plusieurs publications sont envisagées durant la thèse dès que les résultats seront disponibles. Des descriptions de spécimens permettront des travaux collaboratifs auquel le doctorant sera associé. Un fossile inédit vient de nous être confié pour étude, le doctorant effectuera toute la description des structures osseuses. Il en sera de même pour quelques spécimens clés étudiés dans les deux ans (par exemple le crâne de Broken Hill). Par ailleurs, l'accent sera mis sur une publication méthodologique pour expliciter les techniques développées dans le cadre de cette thèse, pour diffuser les nouvelles méthodes proposées. Enfin, un article synthétique sera réalisé avant la fin de la thèse, en parallèle de la rédaction de la thèse.

## Réorientation possible du sujet

L'étude porte sur du matériel disponible et les ajouts concerneront des fossiles nouvellement accessibles. Une limite à ce projet réside dans le temps nécessaire au traitement de données à haute résolution. Il ne sera pas possible en 3 ans de segmenter toutes les structures internes de la voûte crânienne sur des centaines de spécimens. Un équilibre sera trouvé dans le temps passé sur les données numériques et la qualité des informations extraites. L'optimisation des outils de traitement apportera des éléments de réponses à cette limite. Les données CT classiques donneront de bonnes informations d'ensemble et ce sont des analyses ciblées sur des zones anatomiques clés ou par microCT qui permettront d'affiner les résultats. Le risque méthodologique est faible puisque les premiers essais sont concluants.

## Faisabilité du 3 ans (échancier)

Septembre 2016 – Février 2017: Finalisation de la mise en place des protocoles analytiques spécifiques à la recherche envisagée. Quelques missions permettront de compléter le matériel d'étude et d'enrichir la base de données d'imagerie auxquelles s'ajouteront les acquisitions micro-CT grâce à la plate-forme Ast-Rx (microtomographe du MNHN). Mars 2017 à Juin 2018: Analyse conjointe des différents types de données.

Interprétation des résultats. Rédaction d'articles scientifiques présentant 1) les nouveaux protocoles analytiques développés et 2) les premiers résultats obtenus, en particulier sur des spécimens clés du projet (fossiles récemment découverts ou données récemment produites ou accessibles). Juin 2018 à Juin 2019 : Rédaction du manuscrit de thèse, ainsi que d'une publication synthétique, et soutenance

**Profil du candidat recherché**

Connaissances en anatomie comparée des primates (crâne et cerveau), en évolution humaine Maîtrise des techniques d'analyse (imagerie au sens large, connaissances des principes de l'imagerie RX et/ou des méthodes de morphométrie géométrique)

**UMR 7179 – Mécanismes adaptatifs et évolution  
(MECADEV)**

## **Impacts de la nutrition et de l'activité physique sur la neurogénèse au cours du vieillissement**

**Equipe :** Biologie intégrative de l'adaptation

**Directeur de thèse HDR :** Fabien PIFFERI

**Contact :** pifferi@mnhn.fr

### **Descriptif du sujet de thèse**

Contrairement à ce qui était autrefois admis, des neurones sont produits par le cerveau des mammifères, même à l'âge adulte. En effet, des cellules souches neurales sont présentes en très grandes quantités dans plusieurs régions du cerveau. Cependant, le nombre de nouveaux neurones est très faible par rapport au nombre total de neurones du cerveau. Le cerveau adulte, qui se répare donc assez mal, possède paradoxalement un grand pouvoir de multiplication des neurones. Si l'on savait stimuler la transformation des cellules souches en neurones fonctionnels, il serait possible de réparer les neurones lésés lors du vieillissement ou encore détruits par un traumatisme. Des travaux récents suggèrent qu'il serait possible d'améliorer le pouvoir de neurogénèse par des approches nutritionnelles ou comportementales telles que la supplémentation en acides gras oméga-3 (1), la restriction calorique (2) ou l'activité physique régulière (3). Individuellement, ces approches ont démontré des effets bénéfiques sur la santé et/ou les performances cognitives chez plusieurs espèces de mammifères incluant l'Homme. Cependant, l'effet de ces traitements est parfois difficile à démontrer car il est souvent marginal (5,6). Toutefois, l'effet combiné de ces différentes approches pourrait permettre d'améliorer très significativement ces paramètres. Nous proposons donc d'évaluer l'impact d'une approche multimodale, alliant modifications nutritionnelles et activité physique, sur le phénomène de neurogénèse au cours du vieillissement. Cette approche sera réalisée pour la première fois chez un primate non-humain, le microcèbe (*Microcebus murinus*), modèle reconnu pour l'étude du vieillissement et prometteur dans le domaine des neurosciences (4). Une cohorte d'animaux adultes sera soumise à une restriction calorique chronique très modérée associée à de l'activité physique régulière et supplémentée en acides gras oméga-3, pendant une période de 18 mois. Une évaluation mensuelle des animaux sera réalisée, incluant des tests cognitifs (apprentissage et mémorisation, mémoire émotionnelle et de travail), des mesures hormonales (testostérone, cortisol), des tests moteurs, des mesures de condition corporelle et métabolique. En fin de protocole, une fraction des animaux sera utilisée pour mesurer l'activité électrique cérébrale dans les zones à fort potentiel de neurogénèse (électro-encéphalographie superficielle et en couche profonde). Le reste des animaux sera sacrifié pour mesurer le niveau de neurogénèse dans l'ensemble du cerveau (mesure immunohistochimique).

### **Résultats attendus**

Ces travaux pourraient permettre de démontrer que l'optimisation des apports nutritionnels (quantitatif et qualitatif) et du niveau d'activité physique, seraient propices

à améliorer significativement l'état de santé, notamment cognitif des animaux, en particulier via la potentialisation de la neurogénèse. En particulier, les oméga-3 sont connus pour améliorer les performances cognitives, comme la restriction calorique et l'activité physique, mais dans une moindre mesure. Ces deux dernières interventions sont décrites comme permettant de limiter la résistance à l'insuline, un marqueur précoces de troubles cognitifs liés à l'âge. L'effet synergique de ces 3 interventions devrait donc permettre d'observer des effets très significatifs.

### **Stratégie de publication**

Le protocole expérimentale durera 18 mois. Le premier semestre de la thèse servira à démarrer ce protocole, les premiers résultats du suivi longitudinal (+6 mois) arriveront donc après 12 mois de thèse, ce qui permettra la rédaction d'un premier article en début de 2ème année de thèse. En fin de deuxième année, le protocole sera terminé (+18 mois), la troisième année sera donc consacrée à la publication des données finales du suivi longitudinal et à la rédaction du manuscrit de thèse.

### **Réorientation possible du sujet**

En nous appuyant sur des méthodologies très maîtrisées au laboratoire (EEG, cognition, neurogénèse) et sur des interventions également déjà bien connues, nous pensons limiter les risques d'échec expérimentale. Toutefois, si, par exemple, la restriction calorique s'avérait incompatible avec l'augmentation de l'activité physique, nous choisirons de supprimer l'étude de la restriction, pour laquelle nous avons déjà 10 ans de données cumulées (à court et long-terme) et donc de nous focaliser sur les effets de l'activité (pour laquelle beaucoup moins de données sont disponibles).

### **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

Année 1, semestre 1 : Mise en place du protocole Année 1, semestre 2 : Suivi longitudinal des animaux, préparation du premier comité de thèse  
Année 2, semestre 1 : Rédaction du premier article, suivi des animaux, présentation en congrès national  
Année 2, semestre 2 : Suivi longitudinal des animaux (arrêt après 18 mois, en fin de 2ème année), préparation du deuxième comité thèse)  
Année 3, semestre 1 : Rédaction des articles finaux, présentation en congrès international  
Année 3, semestre 2 : Rédaction du manuscrit de thèse

### **Profil du candidat recherché**

Le candidat recherché sera un étudiant en Master 2 Neurosciences ou Comportement/Ethologie, avec un dossier académique de très bonne qualité (classé dans les 3 premiers de son M2).

## **Origine et évolution des taxons d'altitude sous les tropiques : le cas des insectes herbivores du Doi Inthanon (Thaïlande)**

**Equipe :** ECOTROP

**Directeur de thèse HDR :** Eric GUILBERT

**Contact :** [guilbert@mnhn.fr](mailto:guilbert@mnhn.fr)

**Co-directeur(s) :** Pierre-Michel Forget, Adeline Soulier, Christophe Daugeron

### **Descriptif du sujet de thèse**

Les montagnes des régions tropicales se caractérisent par une richesse spécifique exceptionnelle associée à un fort endémisme, mais l'origine et l'évolution de cette diversité unique sont encore mal comprises. De nombreuses études montrent un maximum de diversité aux altitudes moyennes, mais d'autres patrons majeurs ont été identifiés (e.g. diminution de la diversité avec l'altitude). Quatre facteurs principaux rendent compte de ces patrons : (1) le climat (température, précipitations), (2) l'espace disponible (corrélation superficie/nombre d'espèces), (3) les facteurs biotiques (compétition interspécifique, hétérogénéité des habitats), (4) l'histoire évolutive des taxons (spéciation, extinction, âge des clades, conservatisme de niche). L'histoire évolutive des taxons est sans doute le moins étudié, principalement pour trois raisons: (1) par manque de phylogénies au niveau spécifique (i.e. incluant les espèces trouvées le long des gradients altitudinaux), (2) par manque de phylogénies globales (i.e. des phylogénies supraspécifiques incluant les clades trouvés le long des gradients, et (3) par manque de datations. L'objectif du projet est d'expliquer la mise en place de la diversité d'insectes herbivores (hemiptères phytophages et diptères pollinisateurs) le long d'un gradient altitudinal réalisé sur une des plus haute montagne d'Asie du sud-est en utilisant une approche à la fois écologique et historique. Pour cela les modèles utilisés seront étudiés dans un cadre phylogénétique: (1) une phylogénie moléculaire des espèces trouvées le long du gradient (phylogénie des communautés) sera reconstruite afin d'analyser les traits de vie « extrinsèques » aux espèces (e.g. l'altitude, le type de végétation, les plantes hôtes...) pour comprendre comment les communautés se sont structurées au cours du temps (conservatisme de niche versus compétition), (2) les clades trouvés le long du gradient seront inclus à la phylogénie globale des groupes modèles pour déterminer leur origine (origine unique/multiple, tropicale/tempérée) et la pré-existence éventuelle de traits favorisant la colonisation des milieux d'altitudes tropicaux (e.g. la phénologie). Le jeu de données à analyser est issu d'une collaboration effectuée dans le cadre des projets Tiger (Thailand Inventory Group for Entomological Research, NSF DEB-0542864) et Twin Peaks (National Museum of Wales, Cardiff/Queen Sirikit Botanical Garden, Chiang Mai). Ces projets ont consisté à réaliser un gradient altitudinal sur la plus haute montagne de Thaïlande, le Doi Inthanon : 18 stations de collectes ont été sélectionnées entre 412 et 2556m; à chaque station un piège de malaise a été posé pendant 1 an et le matériel collecté a été prélevé environ tous les 10 jours. Chaque type de végétation rencontré le long du gradient, depuis les forêts sèches de basse altitude aux forêts sempervirentes

pluvieuses de haute altitude, ont donc été couverts par plusieurs stations de piégeage (réplicats).

### **Résultats attendus**

Il est probable que les résultats varieront en fonction des modèles étudiés (hémiptères phytophages et diptères pollinisateurs) mais dans tous les cas ils traiteront de : - La diversité spécifique, l'abondance et l'évolution de la composition des communautés en fonction de l'altitude. - L'influence respective des conditions environnementales et de la compétition entre espèces dans la mise en place des communautés (espèces de même altitude regroupées en clade ou bien dispersées à travers la phylogénie). - L'évolution de la phénologie en fonction des facteurs climatiques rencontrés aux différentes altitudes. - L'origine des clades d'altitude (e.g. lignées pré-adaptées provenant de zones tempérées versus un déplacement de lignées tropicales adaptées à une végétation de basse altitude vers une végétation de haute altitude).

### **Stratégie de publication**

Deux publications sont prévues: - La première traitera de la structuration des communautés d'insectes herbivores le long du gradient altitudinal (phylogénie des communautés). - La seconde visera à retracer l'origine des clades trouvés le long du gradient altitudinal. En fonction de la vitesse à laquelle les résultats seront obtenus, une troisième publication relative à la taxonomie des groupes modèles (description des espèces nouvelles, barcode...) sera envisagée.

### **Réorientation possible du sujet**

Les reconstructions phylogénétiques s'appuieront en partie sur des données moléculaires déjà obtenues (stages de master 2 passé et en cours). Le seul écueil possible étant l'ampleur des échantillons à traiter, le nombre de taxa étudiés pourra être revu à la baisse.

### **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

La thèse devra s'appuyer sur les résultats préliminaires obtenus lors de stages de master 1 et 2, ainsi que l'expérience acquise lors de l'analyse des données provenant d'un gradient altitudinal réalisé en Papouasie Nouvelle Guinée. La première année et une partie de la seconde seront dévolues aux analyses moléculaires et morphologiques pour la reconstruction des phylogénies des groupes modèles. Par la suite l'étudiant devra concaténer toutes les informations disponibles sur les facteurs biotiques, plantes et biomes du transect, ainsi que sur les facteurs abiotiques actuels et passés pouvant être exploités. La phénologie détaillée des espèces sera retracée sur la base des données de collectes. L'ensemble des données seront analysées dans le cadre phylogénétique reconstruit durant la première partie de la thèse.

### **Profil du candidat recherché**

Le candidat devra connaître les méthodes de reconstruction phylogénétique, les outils moléculaires et l'utilisation des statistiques. Une connaissance de la systématique des insectes est indispensable, et celle des hémiptères et des diptères serait un plus.

## **Anatomie de l'hoazin, histoire naturelle et évolutive.**

**Equipe :** Funevol

**Directeur de thèse HDR :** Anick Abourachid

**Contact :** abourach@mnhn.fr

**Co-directeur(s) :** Anne-Claire FABRE

### **Descriptif du sujet de thèse**

L'hoazin (*Opisthocomus hoazin*) est l'unique représentant actuel des Opisthocomiformes. Il vit dans la végétation des rives inondables de l'Amazonie et possède des particularités totalement originales : des griffes fonctionnelles sur les doigts des ailes des poussins utilisées pour grimper pour marcher dans la végétation, et une alimentation folivore à digestion pré-stomacale, comme les mammifères ruminants. En dépit de la fascination exercée par l'hoazin, qualifié parfois d'Archeopteryx vivant, il reste pourtant encore une espèce mystérieuse à bien des points de vue. Récemment, des missions au Venezuela ont permis de récolter de nombreuses données sur cette espèce : fonctionnelles (enregistrement des mouvements locomoteurs et de prise de nourriture, mesures des forces échangées avec l'environnement) et comportementales. De plus, des spécimens entiers en alcool ont été rapportés formant une série de croissance allant des embryons à l'adulte. Enfin, tous les spécimens d'Opithocomidaes fossiles ont été scannés et pourront être comparés à l'espèce actuelle. De telles données permettent d'étudier l'anatomie de cet oiseau unique, mais aussi son ontogénie, en relation avec les données fonctionnelles et comportementales. La dimension historique est présente grâce à la comparaison des données actuelles aux fossiles. Ce corpus de données est disponible pour une thèse de doctorat. Le but de la thèse sera d'étudier la mise en place du système ostéo-musculaire de l'hoazin, depuis des stades embryonnaires jusqu'à adultes. Les analyses anatomiques seront basées sur des  $\mu$ CT scans qui fournissent les images 3D du squelette mais aussi des tissus mous, muscles et viscères, grâce à l'utilisation d'agents de contraste. Des dissections permettront de mesurer les muscles sur la série de croissance. Les données anatomiques seront mises en relation avec les données fonctionnelles et comportementales étudiées par ailleurs. Une étude en morphométrie géométrique permettra de comparer les os des hoazins à l'ensemble des opisthocomidés fossiles connus.

### **Résultats attendus**

Les données sur l'ontogénie des griffes des mains et leur musculature et de leur utilisation alimenteront le débat sur l'atavisme / réapparition de structures disparues.

L'analyse de la forme du squelette de l'adulte et de ses relations avec l'ensemble des viscères, notamment le jabot hypertrophiés, sera un exemple des répercussion d'une spécialisation physiologique (la folivorie) sur le système ostéo-musculaire (spécialisation de la tête, réduction du bréchet, compression du thorax, ceinture scapulaire ankylosée) et le comportement (vol difficile, activité journalière réduite).

La comparaison des données sur les actuels et les fossiles donnera des informations sur l'histoire de cet ordre. La comparaison des particularités anatomiques avec celles des proto-oiseaux apportera aussi des informations utiles au débat sur l'origine du vol. L'approche comparative utilisée pour l'interprétation des résultats permettra de placer les traits d'histoire de vie originaux dans le cadre général de l'évolution de la lignée avienne.

### **Stratégie de publication**

Les descriptions anatomiques seront publiées in extenso. Elles seront insérées dans différents contextes, permettant d'aborder dans chaque cas des problèmes d'intérêt général en biologie évolutive (cf. échéancier).

### **Réorientation possible du sujet**

Tout le matériel étant déjà disponible, le risque d'échec est quasi nul.

### **Faisabilité du 3 ans (échéancier)**

Première année. Acquisition des données : segmentation des CT scans de deux adultes, quatre juvéniles et 4 stades embryonnaires. Préparation d'une table de développement du squelette et de la musculature. Dissection d'un adulte, un juvénile et un embryon tardif. Mesures sur la musculature. Deuxième année. Publication de la table de développement. Publication de l'anatomie squelettique de l'adulte (compromis évolutif physiologie- comportement). Focus sur les zones d'intérêt : Analyse ostéo-musculaire de la ceinture scapulaire (réapparition de mains fonctionnelles, histoire du vol). Analyse en morphométrie géométrique des actuels et fossiles (histoire évolutive). Troisième année. Préparation des publications et rédaction de la thèse.

### **Profil du candidat recherché**

Le candidat devra avoir suivi un cursus en biologie évolutive. Il doit s'intéresser à l'anatomie.

**UMR 7204 - Centre d'Ecologie et des Sciences de la  
Conservation (CESCO)**

## **Intégration des approches fonctionnelles et trophiques des communautés pour une meilleure gestion des écosystèmes exploités en Mer Celtique**

**Equipe :** Bases Écologiques de la Conservation (BEC)

**Directeur de thèse HDR :** Sandrine PAVOINE

**Contact :** pavoine@mnhn.fr

**Co-directeur(s) :** Maud Mouchet, Dorothée Kopp, Marianne Robert

### **Descriptif du sujet de thèse**

L'état des écosystèmes marins est plus souvent résumé aux statuts des stocks exploités qu'à l'état de l'écosystème dans son ensemble. Rares sont les travaux qui intègrent les approches d'écologie fonctionnelle et trophique (e.g. Heymans et al. 2014). Ce projet de thèse vise à intégrer ces approches, pour une meilleure représentation des communautés (poissons, céphalopodes crustacés) en Mer Celtique, une écorégion fortement exploitée par la pêche (Kelleher 2005). Le projet s'articulera selon trois grands axes: - Axe 1 : Dynamique spatio-temporelle des ressources halieutiques en quantifiant le turnover (ou diversité  $\beta$ , Whittaker 1960, Tuomisto 2010) de la structure des communautés. Il sera mis en lien avec des paramètres environnementaux, l'évolution de la pression de pêche et des mesures de gestion pour identifier les facteurs influençant cette dynamique. - Axe2 : Stabilité du réseau trophique en identifiant les règles d'assemblage régissant chaque niveau à l'aide des traits fonctionnels. Un niveau trophique ayant un seul représentant sera considéré comme plus vulnérable (Borrvall et al. 2000). Il s'agira aussi de déterminer si les espèces redondantes sur le plan trophique, le sont de même dans leur réponse aux pressions environnementales à l'aide du cadre méthodologique défini par Mouillot et al. (2013). - Axe 3 : Evaluation de la sensibilité de la biodiversité benthique au chalutage à partir de vidéos sous-marines. Des données de méga-invertébrés benthiques seront utilisées en conjonction avec des traits indicateurs de l'impact du chalutage (e.g. de Juan & Demestre 2012) afin de proposer des futures stratégies de pêche limitant l'effort dans les zones sensibles. Ces développements thématiques pourraient permettre de répondre à un certain nombre de questions quant à la durabilité des ressources marines tout en préservant les capacités fonctionnelles et de résilience des écosystèmes marins. Ce projet répond donc à une demande forte de la France mais aussi de l'Europe pour une approche écosystémique intégrant la dimension biodiversité. Borrvall et al. (2000) Biodiversity lessens the risk of cascading extinction in model food webs. *Ecol. Lett.* 3, 131-136. de Juan & Demestre (2012) A Trawl Disturbance Indicator to quantify large scale fishing impact on benthic ecosystems. *Ecol. Indic.* 18, 183-190. Heymans et al. (2014) Global Patterns in Ecological Indicators of Marine Food Webs: A Modelling Approach. *PLoS ONE* 9(4), e95845. Kelleher (2005) Discards in the world's marine fisheries. An update, fisheries technical paper. FAO no. 470. Mouillot et al. (2013) A functional approach reveals community responses to disturbances. *TREE* 28, 167-177. Tuomisto (2010) A diversity of beta diversities: straightening up a concept gone awry. Part 1. Defining beta diversity

as a function of alpha and gamma diversity. *Ecography* 33, 2-22. Whittaker (1960) *Vegetation of the Siskiyou mountains, Oregon and California*. *Ecol. Monogr.* 30, 280-338.

### **Résultats attendus**

La réalisation de ce projet conduira à une vision intégrative de la complexité des réponses des ressources halieutiques à l'exploitation. La modélisation spatio-temporelle des patrons de diversité des ressources halieutiques en Mer Celtique ainsi que l'identification des facteurs structurants est le premier résultat attendu. Le second axe permettra d'évaluer la stabilité des différents niveaux trophiques. Le dernier axe contribuera à formuler des recommandations de gestion. Ces travaux permettront de proposer des scénarios de conciliation des stratégies de pêche et de conservation des fonctionnalités de cet écosystème.

### **Stratégie de publication**

Chaque axe mènera à la publication d'au moins un article dans des revues de rang A, allant de revues généralistes pour les aspects "macro-écologie" (e.g. *Oikos*) à des revues plus spécialisées liés à la gestion de la biodiversité (e.g. *Conservation Biology*). Par ailleurs, les connaissances acquises sur la dynamique des communautés soumises aux pressions anthropiques renforceront la position du CESCO et du MNHN en tant que référence scientifique dans le domaine de la conservation de la biodiversité.

### **Réorientation possible du sujet**

Une réorientation semble peu probable car cette thèse repose sur des données IFREMER auxquelles l'accès n'a jamais été refusé aux chercheurs du LTBH Lorient. Elles sont néanmoins substituables par des données publiques internationales le cas échéant.

### **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

La disponibilité des données et le panel d'expertise des encadrants assurent la faisabilité de cette thèse. Le suivi annuel des ressources halieutiques entre 1997-2015 (référente : M. Robert) par la campagne scientifique EVHOE (financement DCF) et les données trophiques (projet IFREMER EATME ; référente : D. Kopp) sont disponibles. Les captures et l'effort des pêcheries françaises seront demandées à la Direction des Pêches Maritimes. Le(a) doctorant(e) participera aux campagnes EVHOE, sera en charge de récolter les données vidéo, à l'aide d'un engin sous-marin IFREMER (Pagure), et de compléter la base de traits fonctionnels (référente : M. Mouchet), dès la première année de thèse. L'identification des processus structurant la dynamique spatio-temporelle des communautés sera supervisée par S. Pavoine et M. Mouchet du CESCO.

### **Profil du candidat recherché**

Le(a) candidat(e) devra détenir un master en biologie-écologie, de préférence marine, avec de fortes compétences en écologie quantitative, en modélisation et/ou agro-halieupe.

## **Relations diversité-stabilité : de la théorie aux communautés naturelles**

**Equipe** : socio-ecosystèmes

**Directeur de thèse HDR** : Denis COUVET

**Contact** : couvet@mnhn.fr

**Co-directeur(s)** : Colin FONTAINE

### **Descriptif du sujet de thèse**

L'étude de la variabilité temporelle de l'abondance ou de la biomasse totale des communautés d'espèces est fondamentale pour comprendre la stabilité des écosystèmes, ainsi que la durabilité des services qu'ils fournissent (Cardinale et al 2012). De nombreuses études indiquent un effet positif de la diversité sur la stabilité des communautés (McCann 2000, Isbell et al 2015) et ont proposé différents mécanismes (Hector et al 2010, Loreau et al 2013) bien que la part relative de chacun demeure mal connue (Gross et al. 2014). Ces travaux s'appuient sur des approches théoriques (Yachi et al. 1999) et expérimentales (Tilman et al. 2006), avec les plantes terrestres comme modèle. La généralisation de ces résultats à d'autres communautés reste à tester. Le recours aux approches théoriques ou expérimentales, et non empiriques, questionne également. Les communautés naturelles diffèrent des communautés expérimentales ou théoriques par le fait qu'elles ne sont pas constituées d'assemblage aléatoire d'espèces, mais ont une composition qui dépend de l'effet des conditions environnementales (e.g. climat) et des perturbations (e.g. modification des habitats). De plus, conditions environnementales et perturbations peuvent, en plus de déterminer la diversité des communautés, affecter directement la stabilité des communautés (Xu et al. 2013). A ce jour, ni variations environnementales ni perturbations ne sont intégrées de façon explicite, ignorant ainsi des facteurs potentiellement clef de la stabilité des communautés. Le déficit d'études empiriques s'explique de par la rareté des jeux de données adéquates : suivis à long terme de nombreuses communautés ayant des niveaux de diversité variés. Les suivis de biodiversité participatif apparaissent comme idéaux, car ils concernent des communautés animales variées, suivies sur le long terme et en de nombreux de sites. A cela s'ajoute des programmes de suivi institutionnels tel que le suivi des populations de poissons des cours d'eau de France réalisé par l'ONEMA et le suivi des stocks de poisson marin de mer du nord coordonné par le ICES. Les différences de localisation entre sites permettent de caractériser les conditions environnementales et niveaux de perturbation propre à chacun, pouvant ainsi être relié à la diversité et la stabilité temporelle de chacune des communautés locales. L'objectif de ce projet est d'intégrer conditions environnementales et facteurs liés aux changements globaux dans l'étude des liens entre diversité et stabilité dans les communautés naturelles, provenant de milieux terrestres et aquatiques. Cardinale et al 2012, *Nature* 486: 59-67 Gross et al. 2014, *American Naturalist*, 183: 1-12 Hector et al 2010, *Ecology*, 91: 2213–2220 Isbell et al 2015 *Nature*, 526: 574-577 Loreau et al 2013, *Ecology Letters* 16: 106-115

McCann 2000, Nature, 405:,228-233 Tilman, et al 2006, Nature, 441: 629-632 Xu et al. 2015, J. of Ecol., 103: 1308-1316 Yachi et al, 1999. Proc Nat Ac Sci, 96: 1463-1468

## **Résultats attendus**

Nous utiliserons la méthode d'analyse des chemins (path analysis) permettant de quantifier les relations directes et indirectes entre perturbations (analyses paysagères, CORINE land-cover, HNV), variations environnementales (variabilité/anomalie climatique), richesse et composition des communautés, stabilité temporelle des populations et des communautés. Ce type d'analyse nous permettra d'apporter des éléments de réponse aux questions suivantes : - Par quels mécanismes la diversité affecte-t-elle la stabilité des communautés? - Ces mécanismes dépendent-ils des groupes taxonomiques ou milieux considérés, des conditions environnementales et/ou du niveau de perturbation ? - Quels drivers du changement global affectent le plus la diversité et la stabilité des communautés ?

## **Stratégie de publication**

En apportant un éclairage nouveau sur les processus déterminant la dynamique des communautés, ce projet ambitieux devrait aboutir des publications dans des journaux à fort impact. Des analyses préliminaires effectuées sur le jeu de données sur les communautés de papillons ont fourni des résultats prometteurs suggérant qu'une première publication décrivant la méthode et son potentiel est envisageable dès la première année. Une deuxième publication comparant les réponses de différentes communautés provenant de différents milieux devrait avoir le potentiel d'intéresser des journaux à très haut facteur d'impact. Enfin, deux autres publications investiguant des points plus focalisés sont pressenties : mécanismes reliant diversité et stabilité des populations, caractérisation des pressions affectant le plus la stabilité des communautés

## **Réorientation possible du sujet**

Les analyses préliminaires effectuées ont permis de s'assurer de la pertinence de la méthode envisagée, d'autre part, les jeux de données pressentis sont d'ors et déjà disponibles. Nous estimons donc qu'il y a peu de risque d'échec. Néanmoins, si tel était le cas la part des approches de modélisation par rapport aux approches d'analyse de données serait augmentée.

## **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

La première année sera employée à maîtriser les outils d'analyse (path analysis, SIG) et de modélisation (système d'équations différentielles) sur un jeu de données teste (Vigie Nature, Observatoire de la Biodiversité des Jardins, communautés de papillons) et à la rédaction d'un article de méthode. La deuxième année visera à utiliser les méthodes développées sur l'ensemble des jeux de données disponibles afin d'aboutir à une approche comparative. La troisième année sera employée à la rédaction d'articles, la présentation des résultats à des congrès internationaux et l'organisation d'un workshop.

### **Profil du candidat recherché**

Le(a) candidat(e) devra détenir un master en biologie-écologie, avec de fortes compétences en écologie quantitative et en modélisation.

## **Dynamique, régulation et viabilité des populations restaurées: le cas du Vautour moine.**

**Equipe :** Bases écologiques de la Conservation

**Directeur de thèse HDR :** François SARRAZIN

**Contact :** sarrazin@mnhn.fr

**Co-directeur(s) :** Mihoub Jean Baptiste , Duriez Olivier

### **Descriptif du sujet de thèse**

Face à l'érosion de la biodiversité, les translocations de conservation se multiplient (1,2). Bien que trop rare, leur suivi à long-terme est nécessaire pour une gestion adaptative et une meilleure compréhension de l'écologie des espèces ciblées (3). Récemment Robert et al. (4) ont proposé d'évaluer le statut de conservation des populations restaurées en projetant leur viabilité une fois entrées en phase de régulation. En outre, les dynamiques d'établissement et de croissance des populations restaurées restent peu documentées. Dans ce contexte la situation du Vautour moine (*Aegypius monachus*) réintroduit en France, entre les populations espagnoles et des Balkans, constitue un système exemplaire pour cette problématique. La première population réintroduite dans les Grands Causses semble dans une phase de régulation (une vingtaine de couples depuis plusieurs années) malgré des potentialités d'habitat importantes (5). Les réintroductions plus récentes dans les Alpes du sud (Baronnies et Verdon) montrent des mouvements d'individus à large échelle. En collaboration avec les gestionnaires locaux (LPO Grands Causses, Parc national des Cévennes, Vautours en Baronnies, LPO PACA) cette thèse comprendra quatre axes: - L'analyse démographique des trois populations réintroduites, comprenant la gestion des données existantes (base de données nationale coordonnée par le CESCO et BBEES-UMS 3468), l'estimation des taux de survie et de dispersion par analyse capture-marquage-recapture multi-événements et des paramètres de reproduction, la combinaison avec les analyses génétiques menées actuellement au sein de ces populations par les chercheurs du CRC KMDA (Zoo d'Anvers, Belgique). - L'analyse de la disponibilité de l'habitat de reproduction et d'alimentation pour chacune des trois populations réintroduites, impliquant relevés de terrain, analyses SIG et modèles de niche pour détecter d'éventuels facteurs limitant l'expansion spatiale de l'espèce (dérangement, exploitation forestière, développement éoliens, compétition alimentaire avec le Vautour fauve réintroduit dans ces mêmes sites). La qualité de l'habitat de reproduction pourrait être étudiée indirectement via le régime alimentaire (collectes des pelotes de réjections). - L'analyse des déplacements et des domaines vitaux dans les Causses et les Alpes sur des jeunes oiseaux, voire des adultes, réalisée par suivis GPS (données précédemment acquises et déploiement de nouveaux émetteurs). - La modélisation de la dynamique et de la viabilité de la métapopulation française, en liaison avec les populations espagnoles et des Balkans intégrera les résultats des axes précédents. 1 Seddon, P. J. et al. 2014. *Science*, 345(6195), 406-412 2 IUCN/SSC 2013. *Guidelines for reintroductions and other conservation translocations.v.1.0.* 3

Sarrazin, F., & Barbault, R. 1996. Trends in Ecology & Evolution, 11, 474-478  
4 Robert, A., et al. 2015. Animal Conservation, 18, 397-406  
5 Mihoub, J. B., et al. 2014. Oryx, 48, 116-124

### **Résultats attendus**

Les résultats attendus des différents axes de la thèse seront considérés à trois niveaux. Dans un premier temps ils permettront de mieux comprendre les facteurs d'installation et de régulation de ces populations, ce qui permettra d'optimiser les mesures de conservation mises en œuvre par les organismes gestionnaires de ces programmes de translocation dans une logique de gestion adaptative. A une deuxième échelle, ces résultats permettront de mieux comprendre l'écologie de cette espèce (traits d'histoire de vie, stratégies de sélection d'habitat, colonisation de nouveaux territoires). Enfin les résultats de ces approches intégrées enrichiront significativement les réflexions transversales sur le devenir des populations transloquées et sur l'importance de ces opérations pour lutter contre l'érosion de la biodiversité.

### **Stratégie de publication**

Chaque axe de la thèse présente un fort potentiel pour au moins une publication de rang A. Seront visées en priorité des revues généralistes en écologie ou en écologie appliquée et conservation de la biodiversité à forte audience. Certains résultats pourront être publiés dans des revues d'ornithologie. La priorité sera donnée aux analyses démographiques et comportementales en considérant particulièrement l'identification des processus limitant la croissance de la population caussenarde. Ces publications seront connectées aux travaux en cours au CESCO sur les critères de succès des translocations.

### **Réorientation possible du sujet**

La disponibilité des données sur les populations réintroduites de Vautours moine (>20 ans de suivi individuels sur 3 sites) permet d'éviter une réorientation complète du sujet. Les suivis GPS sont déjà en cours dans les Alpes. D'autres devraient débuter dans les Causses, dans le cadre du Plan National d'Action Vautour Moine. Le cas échéant l'analyse de la régulation des populations restaurées pourrait inclure des analyses sur les populations de Vautours fauve réintroduites dans les mêmes sites. Cette espèce partage de nombreux traits avec le Vautour moine, et l'interaction entre ces espèces sera à considérer dans l'explication des phénomènes observés de régulation de population. De très nombreuses données sont disponibles sur cette espèce au sein du réseau de gestionnaires et de chercheurs engagées sur la conservation du Vautour moine.

### **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

La faisabilité de la thèse est assurée à plusieurs niveaux. Le cœur de la thèse repose sur des analyses de données déjà disponibles concernant le suivi démographique des populations transloquées de Vautour moine réalisé par les partenaires gestionnaires

de ces populations (LPO GC PNC Vautours en baronnies, LPO PACA. Le (la) doctorant(e) renforcera ces suivis par du travail de terrain dont les modalités bénéficieront de la grande expérience des organismes partenaires du projet. Les analyses démographiques, comportementales et spatiales s'appuieront sur les compétences des encadrants et sur l'environnement scientifique du CESCO. La mise en œuvre du suivi GPS bénéficiera de l'encadrement d'Olivier Duriez (CEFE UMR5175) qui collabore déjà avec le CESCO sur des approches similaires sur le Vautour fauve.

### **Profil du candidat recherché**

Le(a) candidat(e) devra détenir un master en écologie / conservation / gestion de l'environnement, avec une bonne expérience de terrain et des organismes en charge de la conservation des espèces ou des espaces. Des compétences en statistiques et SIG sont attendues.

## **UMR 7221, Evolution des régulations endocriniennes**

## Les gènes *Dlx* et l'émergence des fonctions cognitives

**Equipe** : Régulations lors de la morphogenèse.

**Directeur de thèse HDR** Giovanni LEVI

**Contact** : glevi@mnhn.fr

**Co-directeur(s)** : GRIMAUD-HERVE Dominique, NARBOUX-NEME Nicolas

### Descriptif du sujet de thèse

Ce projet de thèse abordera la question de l'émergence des fonctions cognitives par des études génétiques fonctionnelles chez la souris, dans le but d'acquérir de nouvelles connaissances et de proposer des scénarios expliquant l'émergence des capacités cognitives de l'Homme. Dans ce contexte, les fonctions cognitives désignent l'ensemble des processus mentaux fondamentaux comme la perception, la mémoire et le comportement social ; elles comprennent aussi certaines fonctions spécifiques à l'homme, telles le raisonnement, la méta-cognition ou encore le langage articulé.

Les gènes *Dlx5/6* sont nécessaires à la mise-en-place des réseaux neuronaux qui sous-tendent les fonctions intégratives du cerveau. Des mutations de ces gènes ont été associées à certains troubles psychiatriques (autisme, schizophrénie). De plus, *Dlx5/6* jouent un rôle central dans la formation du squelette facial et des modèles théoriques impliquant ces gènes dans la coévolution du crâne et la mise en place de la cognition ont été proposés.

La question du développement des fonctions cognitives chez l'Homme actuel et préhistorique est un sujet très débattu, en particulier chez les néandertaliens dont les capacités dans le domaine symbolique se concrétisent par leurs productions en art mobilier ou rupestre. Jusqu'à récemment, leurs capacités cognitives ne pouvaient être estimées que par la mise en relation entre l'évolution de leur cerveau d'une part (morphométrie, morphologies encéphaliques et vasculaires méningées) et les témoins archéologiques de leur comportement culturel de l'autre.

Or, ces dernières années, les immenses progrès dans l'analyse comparée des génomes ont permis d'explorer la variabilité génétique au sein de populations humaines actuelles et de les comparer avec le génome de *Homo neanderthalensis* (provenant de différents sites: Vindija en Croatie; Altai en Russie...), dont les données sont disponibles dans les banques génomiques. Nos observations montrent que les gènes *Dlx5/6* d'*Homo neanderthalensis* diffèrent de celles d'*Homo sapiens* par des variations qui, chez l'Homme actuel, sont associées à un risque accru d'autisme.

L'étude proposée pour cette thèse sera basée sur des souris, déjà générées, dont l'expression de *Dlx5/6* est modifiée dans les neurones GABAergiques du cortex cérébral. Ces neurones sont responsables de l'intégration à grande échelle des fonctions cérébrales. Les premières analyses du comportement de ces souris nous ont permis de mettre en évidence des changements exceptionnels de leurs fonctions cérébrales supérieures.

Cette thèse a pour but de caractériser le rôle de *Dlx5/6* dans le fonctionnement neuronal à l'échelle de la cellule, des réseaux neuronaux et de l'organisme. Les méthodes qui seront mises en œuvre comprennent l'analyse des variations du comportement, de la structure du cerveau et sa caractérisation moléculaire.

L'analyse des altérations fonctionnelles obtenues à la suite de mutations de *Dlx5/6* chez la souris, permettra de mieux apprécier l'impact sur la fonction cérébrale des variantes de *DLX5/6* spécifiques à l'*Homo neanderthalensis*

### **Résultats attendus**

1) Faire progresser nos connaissances concernant le rôle des gènes *Dlx5/6* dans l'établissement des réseaux neuronaux qui supportent les fonctions cognitives.

2) Extrapoler ces résultats pour développer un modèle expliquant l'émergence des capacités cognitives dans la lignée humaine.

L'interaction entre des disciplines apparemment éloignées comme la génétique fonctionnelle et la paléanthropologie permettra de renforcer mutuellement nos recherches. Compte-tenu des succès récents des recherches en paléo-génétique, le rapprochement entre ces deux disciplines trouve toute sa place au sein du MNHN.

### **Stratégie de publication**

La rédaction d'un article sur les variations des gènes *DLX* entre *Homo sapiens* et *Homo neanderthalensis* et l'association de ces mêmes variations avec le risque de maladies psychiatriques chez *Homo sapiens* est programmée en début de deuxième année. Les études fonctionnelles sur la souris sont déjà bien avancées et une publication majeure est prévue avant la fin de la deuxième année. Des études fonctionnelles *in vitro* sur des protéines DLX porteuses de mutations similaires à celles de *Homo neanderthalensis* sont prévues pour la troisième année.

L'étudiant/e pourra présenter ses résultats dans des colloques nationaux et internationaux en génétique de l'évolution, en neurosciences et en paléanthropologie.

### **Réorientation possible du sujet**

La disponibilité des données préliminaires, de l'ensemble du matériel biologique et d'une plate-forme informatique performante nous rendent confiants sur le bon déroulement du projet. En cas de problème, la multidisciplinarité et la diversité des approches expérimentales permettront de réadapter le plan de travail sans difficulté.

### **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

- Première année

- 1) Analyse du comportement des souris porteuses de mutations *Dlx5/6*
- 2) Analyse des changements des réseaux géniques associés à *Dlx5/6* lors de ces mutations.
- 3) Analyse de l'activité cérébrale de souris (Electroencéphalogrammes)
- 4) Etude comparée de la variabilité des gènes *DLX* chez *Homo sapiens*, comparaison avec *Homo neanderthalensis* et association aux facteurs de risques détectés dans certaines maladies psychiatriques
- 5) Validation des modules de l'Ecole Doctorale

- Deuxième année

- 1) Analyse électrophysiologique de la fonction des interneurones mutants.
- 2) Interprétation des données,
- 3) Modélisation des effets des variantes de *DLX5* présents chez *Homo neanderthalensis* sur l'activité neurale.
- 4) Rédaction d'une première publication sur les variants *Dlx5/6* présents chez *Homo sapiens*, *Homo neanderthalensis* et malades psychiatriques
- 5) Rédaction d'un deuxième article sur les études fonctionnelles chez la souris

- Troisième année

- 1) Compléter les résultats,
- 2) Rédaction de la thèse et éventuellement d'un troisième article.

Des communications lors de colloques nationaux et internationaux sont prévues tout au long du doctorat.

**Profil du candidat recherché**

L'étudiant/e devra être titulaire d'un master de recherche en biologie et posséder une solide formation en biologie moléculaire, génétique et anglais, indispensable à tout biologiste. Des notions de base en neurosciences et en paléanthropologie seront appréciées.

## **Homéostasie métabolique et longévité : étude comparée du rôle des hormones thyroïdiennes**

**Equipe :** Equipe «Intégration des réponses transcriptionnelles induites par les hormones thyroïdiennes et leurs récepteurs» direction Barbara Demeneix ; Groupe «Intégration centrale du métabolisme» : Responsable : Marie-Stéphanie Clerget-Froidevaux

**Directeur de thèse HDR :** Marie-Stéphanie Clerget-Froidevaux

**Contact :** clerget@mnhn.fr

**Co-directeur(s) :** Jérémy Terrien

### **Descriptif du sujet de thèse**

La théorie « du coût de la vie » sous-tend que le vieillissement et la longévité seraient directement liés au niveau de métabolisme d'un organisme, un métabolisme élevé conduisant à une longévité moindre. Compte-tenu du rôle des hormones thyroïdiennes (HT) dans le contrôle du métabolisme, la question se pose de leur influence sur les régulations permettant le maintien de l'homéostasie énergétique au cours du vieillissement. Ainsi, il existe des corrélations négatives entre les taux d'HT et la longévité chez différents vertébrés, incluant l'Homme, des taux faibles d'HT étant associés à une plus grande longévité. Les HT agissent en régulant la transcription de gènes cibles. Ces régulations géniques pourraient ainsi soutenir l'adaptation physiologique des individus à leur environnement propre et donc varier au cours de la vie, notamment durant le vieillissement. Nos hypothèses de travail sont que 1) un meilleur contrôle de l'homéostasie énergétique par une réactivité optimale de l'axe thyroïdien permettrait une meilleure adaptabilité de l'organisme à son environnement ; 2) le maintien de cette homéostasie le plus longtemps au cours du cycle de vie de l'organisme concourrait à un meilleur vieillissement et donc une plus grande longévité. Dans le cadre de cette thèse, une approche comparative sera menée chez deux espèces présentant une forte adaptabilité aux changements extérieurs associée à une forte longévité : 1) la souris de souche WSB/EiJ et 2) le microcèbe. Le candidat comparera les régulations induites chez la souris au niveau transcriptionnel et traductionnel par un stress métabolique (régime gras ou restriction calorique, de courte ou longue durée) appliqué à différents âges de la vie, avec celles observées chez le microcèbe lors des phases physiologiques saisonnières de prise et de perte de poids. Ces données seront obtenues à partir de différents noyaux de l'hypothalamus (centre intégrateur du contrôle du métabolisme) et de tissus périphériques (foie, tissu adipeux brun, tissu adipeux blanc, muscle). Ceci permettra d'identifier les réseaux de gènes mis en jeu dans l'adaptabilité métabolique à l'environnement, et d'analyser leur conservation à travers les espèces. Puis le candidat explorera comment les HT peuvent impacter ces régulations en agissant sur les niveaux centraux ou périphériques d'HT (stimulation ou répression de l'axe thyroïdien). Enfin, dans un contexte préoccupant de pollution environnementale, en particulier par des perturbateurs endocriniens à action métabolique, il analysera si les régulations

physiologiques identifiées peuvent être modifiées par des substances exogènes environnementales, particulièrement celles connues pour cibler les voies thyroïdiennes. Ces recherches seront menées chez le jeune adulte et l'animal âgé, afin d'évaluer l'impact du vieillissement sur les régulations observées et sur le maintien de l'adaptabilité des individus aux changements environnementaux.

### **Résultats attendus**

Grâce à une approche comparée, ce projet informera sur la conservation des régulations géniques impliquées dans l'adaptabilité de l'organisme à son environnement nutritionnel. La comparaison entre les animaux jeunes ou âgés identifiera les facteurs essentiels au maintien de l'homéostasie énergétique au cours du vieillissement qui pourraient expliquer une meilleure longévité. Ces travaux permettront aussi d'accroître les connaissances sur l'influence de la disponibilité centrale en HT sur le contrôle de l'homéostasie énergétique, et sur les mécanismes cérébraux contrôlant le métabolisme périphérique. Enfin, dans un contexte de pollution avérée de l'environnement, ce projet identifiera les voies de régulation du métabolisme impactées par les perturbateurs de l'axe thyroïdien, et les conséquences potentielles sur la longévité des organismes.

### **Stratégie de publication**

Cette thèse devrait donner lieu à la publication d'au moins trois articles, dont deux acceptés dans les 3 ans. Le premier article portera sur l'analyse des régulations transcriptionnelles et traductionnelles mises en évidence au niveau hypothalamique chez la souris jeune et âgée. Une partie des données est déjà disponible, l'étudiant devra les analyser, et les compléter. L'étudiant sera co-1er auteur sur cet article. Le deuxième article portera sur la comparaison des régulations observées chez le microcèbe, avec celles publiées dans le 1er article chez la souris, ainsi que sur le rôle des HT sur ces régulations. L'étudiant sera 1er auteur sur cet article. Enfin, le 3ème article portera sur l'effet des perturbateurs sur les régulations décrites dans les 2 autres papiers. L'étudiant sera également 1er auteur sur cet article.

### **Réorientation possible du sujet**

L'analyse de données à grande échelle (transcriptomique et protéomique) présente un risque non négligeable. Or, une grande partie des données brutes est déjà disponible, le travail portera sur leur analyse bioinformatique, pour laquelle l'étudiant s'appuiera sur l'expertise de la Cellule de Soutien Bioinformatique (E. Duvernois-Berthet). Les données de protéomique chez la souris étant intégrées dans un projet européen (Human), l'étudiant bénéficiera ainsi du réseau de collaborateurs du consortium (Genedata, Suisse, UCL, Londres). Un autre risque concerne la disponibilité des microcèbes. Certaines expériences impliquant le sacrifice des animaux ne seront peut-être pas possible au moment souhaité. Si tel était le cas, le laboratoire de Brunoy dispose d'une grande banque d'organes fixés qui permettra de répondre à certaines de nos questions.

### **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

Au cours de la 1ère année, l'étudiant analysera les données transcriptionnelles du modèle murin, ce qui lui permettra de commencer directement son travail sans phase de mise au point. L'analyse des données protéomiques se fera avec l'aide de nos collaborateurs (Genedata, Suisse; UCL, UK). Il commencera la collecte d'échantillons de microcèbes, qui se fera au fur et à mesure de la disponibilité des animaux à Brunoy. Au cours de la 2ème année, outre l'écriture du 1er papier, l'étudiant réalisera les études sur les échantillons de microcèbe, ainsi que les expériences de manipulation des niveaux d'HT, et travaillera à l'interprétation des résultats obtenus. Enfin, la 3ème année sera consacrée aux expériences sur les perturbateurs, et à la valorisation de ses travaux par leur publication et la rédaction de son manuscrit de thèse.

### **Profil du candidat recherché**

Le candidat recherché aura une formation de biologie, avec de bonnes connaissances en physiologie, complétée par une formation en bioinformatique. Il devra montrer sa motivation pour des études comparatives impliquant des outils bioinformatiques, mais aussi pour le travail expérimental sur échantillons biologiques.

## **UMR 208, Patrimoines locaux et gouvernance**

## **Les relations homme-faune sauvage protégée. Le cas du Phoque gris sur le littoral français**

**Equipe :** Patrimoines locaux et gouvernance. Axe 1 Territoires et stratégies

**Directeur de thèse HDR :** Frédérique Chlous

**Contact :** fchlous@mnhn.fr

**Co-directeur(s) :** Richard Dumez

### **Descriptif du sujet de thèse**

Les conflits hommes-faunes sauvages naissent d'une concurrence pour des besoins vitaux (alimentation, espace) entre hommes et animaux (UICN 2005). Avec le changement de statut de nombreuses espèces – autrefois gibier, matière première ou espèce nuisible, aujourd'hui espèce protégée et parfois emblématique d'un territoire –, la nature même de ces conflits évolue. Ils sont en effet doubles, à la fois entre les hommes eux-mêmes –protecteurs versus détracteurs de l'animal – mais également entre les hommes et les animaux (Karanth T. & U. 2005). Les sciences sociales étudient ces conflits, se focalisant en France sur quelques animaux sauvages – loup et ours, ponctuellement sanglier ou cormoran (Bobbé 2008; Mauz 2006; Mounet 2007; Lescureux 2010; Méchin & Wintz 2011), mais ignorent les mammifères marins alors que les aires marines protégées se développent (Objectifs d'Aichi et Stratégie Nationale pour la mer et le littoral). Tout l'enjeu aujourd'hui est de mieux comprendre ces conflits pour permettre une gestion adaptée des espaces et espèces concernées. Le phoque gris (*Halichoerus grypus* (Fabricius, 1791)) est une espèce protégée à l'échelle européenne. Chassé au début du 19e siècle (pour sa peau et pour faire de l'huile), il a disparu du littoral français jusqu'à ce que la mise en place de mesures de protection et l'augmentation des populations du nord de l'Europe, lui permettent de recoloniser ce littoral (Bensettiti & Gaudillat 2004). Il n'en possède pas moins un statut ambigu : d'un côté, espèce patrimoniale et animal emblématique d'une nature sauvage, qui attire les naturalistes et support d'une activité touristique, de l'autre côté, animal concurrent pour les pêcheurs, jusque dans leurs filets. Comment dès lors concilier préservation de la biodiversité et activités humaines ? Ce projet s'inscrit dans la problématique actuelle de création et de gestion des aires marines protégées, qui tend à intégrer la dimension sociale et culturelle dans ses objectifs et sa gouvernance. L'objectif de la thèse est d'analyser, dans une perspective diachronique, l'évolution des relations hommes-phoque gris et les transformations des représentations sociales. Elle s'appuiera sur une approche anthropologique, (analyse de l'organisation sociale, rapports sociaux, représentations sociales) et ethnoécologique (étude des pratiques et savoirs locaux écologiques). La méthodologie développée est ancrée dans méthodes de l'anthropologie (entretiens semi-directifs, observation participante, histoire de vie, analyse documentaire). L'approche comparative est également une dimension importante, l'ambition du projet étant d'étudier ces relations au sein de deux RNN : Sept-Îles, qui compte une communauté de phoque gris, et Baie de Somme, où vivent deux communautés plus importantes de

mammifères marins, l'une de phoque gris et l'autre de phoques communs (*Phoca vitulina* (L. 1758)).

### **Résultats attendus**

La thèse, qui bénéficiera du soutien (mise à disposition de données notamment écologiques et de moyens logistiques) des deux RNN (Sept-Îles et Baie de Somme), doit permettre de : - Identifier et analyser les connaissances liées à l'animal : ethnoécologie à travers la collecte des classifications vernaculaires et approche ethnoéthologique (Brunois, 2005, Lescureux et Linnell, 2010). - Analyser les transformations de statut des espèces et leurs conséquences : comprendre les pratiques et représentations sociales, étudier les groupes qui concourent à la patrimonialisation de l'espèce et les conflits attenants. - Apporter les éléments de réflexion à la gestion des conflits homme-animal dans le cadre des aires marines protégées.

### **Stratégie de publication**

Les travaux menés dans le cadre de cette thèse sur articles permettront une valorisation des résultats, à la fois disciplinaire (revues d'anthropologie, d'ethnoécologie) et interdisciplinaire (revues de conservation de la nature). Les communications à usage des gestionnaires au sein des AMP ne seront pas négligées.

### **Réorientation possible du sujet**

Les risques liés à ce type de sujet sont faibles, d'autant plus que le soutien sur le terrain, par l'intermédiaire des réserves naturelles, est important. Afin de mener au mieux la dimension comparative, le-la doctorant-e conduira tout d'abord une étude sur un premier terrain, la décision d'approfondir le second terrain (sur des points saillants révélés par le 1er terrain) sera discutée entre encadrants, doctorant-e et gestionnaires, et soumis au comité de thèse. Il s'agira également d'évaluer la pertinence de ne s'intéresser qu'au seul phoque gris. Les enquêtes peuvent faire émerger la nécessité d'intégrer d'autres animaux à l'étude (dont les oiseaux marins présents sur la réserve des Sept-îles : fous de bassans, macareux, etc.), questionnant alors la faisabilité de l'approche comparative.

### **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

Le premier temps (3-4 mois) sera consacré à l'état de l'art, la construction de la problématique et de la méthodologie. Le ou la doctorant-e réalisera ensuite un terrain de longue durée (8 à 9 mois) (1ère année). Il consacrera ensuite son temps à l'analyse de ses données et du corpus documentaire, à la rédaction d'articles, ponctué d'aller-retours sur ses terrains (3 à 4 mois en tout) (2e année). La dernière année est consacrée au parachevement des analyses, à l'écriture d'articles et à la finalisation du manuscrit.

## **Profil du candidat recherché**

Le candidat sera issu d'une formation en sciences sociales. Il pourra avoir suivi un parcours bidisciplinaire : une formation de licence en sciences de la nature, puis une formation de master prenant en compte les dimensions socioanthropologiques des relations homme-nature. Les techniques d'enquêtes qualitatives doivent être maîtrisées Il devra avoir réalisé un mémoire de recherche en master 2 : Etat de l'art, construction d'une problématique et de la méthodologie, mise en œuvre sur le terrain, analyse. Une connaissance du milieu maritime sera appréciée

## **Les recompositions territoriales dans les politiques de conservation : Une relecture de la participation dans les programmes de gestion communautaire des ressources naturelles en Afrique australe et orientale**

**Equipe :** Patrimoines: territoires et stratégies

**Directeur de thèse HDR :** Dominique Guillaud

**Contact :** dominique.guillaud@ird.fr

### **Descriptif du sujet de thèse**

Face à l'impact négatif des approches protectionnistes basées sur l'exclusion des populations et la stricte protection des ressources naturelles, les nouveaux modes de conservation de la nature cherchent à concilier conservation de la diversité biologique et développement des populations locales. Les approches de Gestion Communautaire des Ressources Naturelles (GCRN) visent ainsi à permettre aux populations locales de bénéficier des revenus économiques liés à la gestion de la faune et promettent une cogestion des ressources entre Etat, acteurs privés, ONG et communautés locales. Toutefois, ces dispositifs impactent peu les populations, dont les ressources ont souvent été détournées au profit d'intérêts privés. Or en Afrique australe, les territoires de conservation, hérités du passé colonial, se reconfigurent pour répondre aux enjeux de préservation des savoirs locaux et de partage équitable des bénéfices tirés de la biodiversité (Cormier-Salem, 2006). Le découpage territorial administratif, venu se superposer aux territoires d'usages et d'histoire, cristallise les conflits locaux entre populations et gestionnaires. La territorialisation imposée par l'aménagement de l'aire protégée représente une norme administrative reconnue, mais ne correspond pas aux territoires sociaux dans lesquels s'inscrivent les interactions entre hommes et environnement. Comment, de ces territoires sociaux méconnus, émerge la construction de savoirs et savoir-faire sur la biodiversité qui les entoure, indispensables à la gouvernance locale ? Comment permettre une participation efficiente des populations à la gestion des ressources naturelles face aux dynamiques néolibérales des politiques de conservation ? Les grandes aires protégées de l'ouest du Zimbabwe (Parc National de Hwange, 14 651 km<sup>2</sup>) et du sud de la Tanzanie (Réserve de Chasse du Selous, 54 600 km<sup>2</sup>) abritent une biodiversité convoitée à haute valeur commerciale pour le tourisme cynégétique, et dont dépendent les populations riveraines. La proximité directe de leurs habitations avec ces zones génère des contraintes additionnelles dont elles supportent le coût : agressions par la faune, destruction de cultures, prédation du bétail. Berceaux des approches intégrées de type GCRN, ces pays ont en fait beaucoup de mal à les mettre en œuvre, tant du point de vue de la définition d'une unité de gestion participative effective que des bénéfices économiques perçus par les populations. Dans ce contexte, il est nécessaire de comprendre ces territoires sociaux dont les mécanismes impactent la capacité de ces populations à participer à la GCRN. Ce travail de doctorat permettra de reconsidérer les modalités de participation des populations à la gestion des ressources naturelles

face aux dynamiques néo-libérales de la conservation, qui contribuent à déplacer les fonds et les ressources (capitaux de la conservation, trophées de chasse...).

### **Résultats attendus**

Par une analyse comparative au Zimbabwe (« Zone Atelier Hwange », CNRS) et en Tanzanie (Basse vallée du Rufiji) de la perception du territoire et de l'environnement par les populations riveraines des parcs nationaux, l'étude permettra de comprendre la façon dont leurs savoirs et leurs représentations (recueillies via la toponymie et la cartographie participative) s'articulent avec le découpage administratif et le fonctionnement des modèles de GCRN, pour mettre en valeur d'éventuels décalages entre territoires de conservation et territoires sociaux. La mise en perspective des échelles locales avec les objectifs, procédures et processus régionaux (SADC), nationaux et internationaux permettront une réflexion sur le système de la GCRN, actuellement en débat. Des formes de restitution (aux populations et gestionnaires) sont à envisager.

### **Stratégie de publication**

Ces travaux de doctorat proposent une réflexion sur les interactions entre les sociétés humaines et leur environnement naturel en contexte de conservation en Afrique australe, permettant des publications dans des revues en sciences humaines et politiques. L'analyse interdisciplinaire produite sur le territoire (perceptions de la nature, histoire des familles, cartographie participative), permettra de publier les résultats dans des revues telles que : « La Revue d'ethnoécologie », « Géographie et cultures », « Autrepart », « Développement durable et territoires ». Cette recherche permettra également de contribuer aux réflexions en cours sur les politiques régionales et internationales de conservation de la nature : « Natures, Sciences, Sociétés », « Ecologie et politique », « Politique africaine »...

### **Réorientation possible du sujet**

La région ciblée n'est pas actuellement sujette à des troubles sociaux qui pourraient nécessiter un changement de terrain. Le cas échéant, le doctorant pourra se focaliser sur l'un des deux terrains uniquement. A la périphérie de l'aire protégée, les recherches porteront alors sur une analyse multiscale de la participation des populations à la gestion de leurs ressources naturelles. Dans le cas où la mise en œuvre du sujet venait à échouer dans les deux terrains, le doctorant pourra se replier sur l'un des autres terrains de l'UMR Paloc où sont conduites des opérations de conservation de la faune (Afrique de l'Ouest).

### **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

À la rentrée 2016, le doctorant se focalisera sur une étude de la bibliographie, puis sur la construction de la problématique et de la méthodologie comparative, afin de préparer les missions de terrain qui suivront (3 mois). Le doctorant réalisera ensuite une première immersion prolongée dans les villages zimbabwéens et tanzaniens (6 mois), suivie des premières transcriptions et analyses des données (3 mois). La deuxième année sera dédiée à deux phases de terrain (6 mois), entrecoupées de

transcriptions, de premières analyses, de la rédaction d'articles et de premières rédactions de thèse. La dernière année sera consacrée à l'analyse comparative de l'ensemble du corpus de données (4 mois), à de la bibliographie complémentaire et à la finalisation de l'écrit (8 mois). Le comité de thèse sera réuni avant et après les départs en mission.

### **Profil du candidat recherché**

Formation en anthropologie ou en ethnoécologie, permettant une approche interdisciplinaire. Aptitude à la conduite d'entretiens et à mener des recherches en immersion dans les communautés rurales. Maîtrise de l'anglais.

## **UMR7196, Structure et Instabilité des Génomes**

## Mécanismes d'adaptation à la sénescence télomérique

**Equipe :** Structure des Acides Nucléiques, Télomères et Evolution

**Directeur de thèse HDR :** Jean-François Riou

**Contact :** riou@mnhn.fr

### Descriptif du sujet de thèse

La formation de structures d'ADN en G-quadruplexes a été mise en évidence dans de nombreux organismes de la levure à l'homme et joue un rôle dans la protection et la régulation des télomères. Des outils chimiques, tels que les ligands de G-quadruplexe, et des outils biologiques, tels que des anticorps dirigés contre les G-quadruplexes ont permis de démontrer leur existence aux télomères. Cependant, il existe dans le génome de nombreuses autres séquences d'ADN riches en guanines potentiellement capables de former des G-quadruplexes, y compris au niveau de l'ADN mitochondrial, qui joueraient un rôle dans la régulation de la transcription et de la réplication. La sénescence cellulaire est un mécanisme de protection contre l'instabilité génomique qui aboutit à un arrêt de la croissance associé à une reprogrammation des fonctions cellulaires. La sénescence peut être due à l'attrition des télomères, mais aussi à l'accumulation de dommages à l'ADN et/ou à un dysfonctionnement de l'activité mitochondriale, ces derniers correspondant à des facteurs dits exogènes. Les ligands de G-quadruplexe sont capables d'induire la sénescence cellulaire, mais les mécanismes mis en jeu sont encore mal élucidés. Déterminer la part relative de l'activité de ces ligands sur les télomères, le reste du génome et la mitochondrie nécessite de développer une approche permettant de caractériser l'ensemble de ces événements au niveau cellulaire. L'adaptation progressive d'un organisme ou d'un système cellulaire à un agent extérieur, puis l'étude des mécanismes mis en jeu constitue une méthode de choix pour caractériser l'ensemble de ces événements.

Nous avons obtenu dans le laboratoire un modèle cellulaire « adapté », résistant à un ligand de G-quadruplexe et qui est devenu insensible à son induction de sénescence. La première étape du travail de thèse consistera à caractériser les altérations télomériques, mitochondriales, génomiques et transcriptionnelles dans ce modèle cellulaire « adapté » afin de déterminer l'implication et le rôle de ces événements dans l'adaptation. Les méthodologies utilisées correspondent à des approches classiques de biologie cellulaire et moléculaires (culture de cellules, PCR-quantitative, transcriptome, CGH array) et des approches plus spécifiques de la biologie des télomères (Q-FISH, STELA) et de la mitochondrie (dosage des ROS, mitotracker, microscopie électronique). Cette approche sera ensuite étendue à un modèle original que nous étudions au Muséum, le microcèbe. Le microcèbe présente une longévité exceptionnelle et une biologie des télomères particulière : absence de sénescence répllicative et télomères très longs, ce qui en fait un système de choix pour réaliser cette étude comparative.

Ce projet s'insère dans la thématique de recherche du laboratoire qui est fondée sur son expertise dans le domaine des télomères et des G-quadruplexes et des collaborations avec des spécialistes du microcèbe et de l'activité mitochondriale.

## **Résultats attendus**

Le modèle cellulaire chez l'homme « adapté » au ligand de G-quadruplexe a déjà été établi et présente une forte diminution des télomères les plus longs. Son génome est en cours d'analyse afin de déterminer ou non si l'adaptation aboutit à une variation quantitative ou qualitative des séquences potentiellement capables de former des G-quadruplexes pouvant expliquer le mécanisme d'adaptation. L'unité possède aussi au sein du département une cellule de bioinformatique permettant l'analyse des données de génomique. L'impact sur la mitochondrie et le niveau de ROS complèteront ces résultats. La lignée de microcèbe sera « adaptée » au même ligand de G-quadruplexe pendant environ 6 mois. Les variations de longueur des télomères, de génome, de transcriptome et de mitochondrie seront déterminées et comparées au modèle humain.

## **Stratégie de publication**

La publication de deux articles dans des revues internationales indexées est attendue. Dans un premier temps la caractérisation phénotypique de la lignée adaptée au ligand de G-quadruplexe et ses modifications au niveau des télomères, des mitochondries et de son génome sera réalisée. Dans un deuxième temps l'étude comparative des modèles humain et microcèbe sera effectuée en tenant compte de leur différence de biologie des télomères.

## **Réorientation possible du sujet**

Le risque de réorientation est faible, les compétences pour développer les modèles cellulaires adaptés, les modèles d'études, le matériel et les équipements sont disponibles dans le laboratoire et les équipes partenaires.

## **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

Le risque de réorientation est faible, les compétences pour développer les modèles cellulaires adaptés, les modèles d'études, le matériel et les équipements sont disponibles dans le laboratoire et les équipes partenaires.

## **Profil du candidat recherché**

M2 en Biologie cellulaire, moléculaire, vieillissement ou génétique

## **Etude des mécanismes évolutifs et des fonctions associés aux séquences centromériques de primates**

**Equipe :** ADN répété, Chromatine et Evolution (ARChE)

**Directeur de thèse HDR :** Christophe Escudé

**Contact :** [escude@mnhn.fr](mailto:escude@mnhn.fr)

**Co-directeur(s) :** Loïc Ponger

### **Descriptif du sujet de thèse**

Le centromère est une structure chromatinienne qui permet la bonne ségrégation des chromosomes lors de la division des cellules eucaryotes. Paradoxalement, alors que la fonction du centromère et les protéines impliquées sont conservées au cours de l'évolution, l'ADN centromérique présente une très grande diversité de séquences d'un groupe taxonomique à un autre. Chez la plupart des primates, l'ADN centromérique est constitué de séquences répétées en tandem appelées alpha-satellite. L'unité de répétition possède une longueur d'environ 171 nucléotides et est répétée plusieurs milliers de fois sur chaque centromère. Des études menées chez l'homme et quelques primates ont montré que ces séquences peuvent se classer en une dizaine de sous-familles différentes ayant une organisation spatiale complexe à l'intérieur ou au voisinage des centromères. Bien que les mécanismes à l'origine de la diversité de ces séquences et de leur organisation ne soient pas encore précisément connus, il est admis que ces séquences sont soumises à des mécanismes évolutifs spécifiques permettant notamment l'amplification de certaines séquences créant ainsi de nouvelles séries de séquences fortement homogènes entre elles. D'un point de vue fonctionnel, il a été montré que certaines familles possèdent des sites de fixation pour cenpB, une protéine impliquée dans la fonction du centromère, ou pour pJalpha, une protéine très peu caractérisée. Il a également été montré que certaines de ces séquences pouvaient se replier pour former des structures d'ADN particulières dont le rôle potentiel dans la fonction du centromère demeure une simple hypothèse. L'existence d'une éventuelle pression de sélection favorisant ou éliminant de tels sites de fixation ou de telles structures n'a jamais été étudié jusqu'ici. L'objectif de la thèse sera d'étudier, par une approche bioinformatique, l'ADN alpha-satellite d'une quinzaine d'espèces de primates afin de mieux comprendre les mécanismes évolutifs et les fonctions associés à ces séquences. L'étape initiale sera d'identifier et extraire les séquences alpha-satellites présentes dans les banques publiques. Le doctorant développera une méthode permettant d'identifier les différentes sous-familles présentes au sein d'un jeu de données composé de plusieurs milliers de séquences. Le travail consistera ensuite à déterminer les propriétés de ces sous-familles afin de les comparer aux éléments déjà publiés pour quelques espèces. Parallèlement, en utilisant des approches statistiques connues, le doctorant estimera les taux de substitution qui s'appliquent dans ces sous-familles (ou sur des sous-parties de ces séquences) afin de tester la présence de pressions de sélection différentes. Ces résultats seront remis dans le contexte évolutif et fonctionnel des séquences alpha-

satellites mais pourront aussi être discuté dans le cadre plus général des centromères d'autres groupes taxonomiques.

### **Résultats attendus**

- le développement et l'implémentation d'une méthode de classification fonctionnant sur des milliers de séquences homologues qui sera applicable à l'ADN alpha-satellites mais aussi, potentiellement, aux séquences satellite d'autres espèces. - la caractérisation des différentes sous-familles de séquences alpha-satellites permettant ainsi de proposer des scénarios concernant l'évolution de ces séquences au sein des primates : distribution taxonomique, divergence, organisation, présence d'éléments fonctionnels connus, ... - la mise en évidence de pressions de sélection particulières permettant 1) de confirmer ou infirmer l'importance des éléments connus et 2) de découvrir de nouveaux éléments potentiellement fonctionnels. Cela permettra de mieux comprendre le rôle de ces séquences dans la fonction des centromères.

### **Stratégie de publication**

La description des différentes sous-familles de séquences alpha-satellites et les scénarios évolutifs associés pourront faire l'objet d'une publication. En fonction de l'importance du développement méthodologique, la méthode de classification utilisée pourra être intégrée à cette publication ou publiée séparément. L'étude des pressions de sélection au sein des différentes sous-familles permettant de caractériser les mécanismes évolutifs et les motifs fonctionnelles associés pourront être publiés dans des journaux de biologie et d'évolution. Les données générées au cours de ce travail seront intégrées dans une base de données en cours de développement au sein de l'équipe. Le doctorant sera co-auteur de la publication décrivant la base de données et les outils associés.

### **Réorientation possible du sujet**

Les séquences étudiées seront extraites des banques de séquences publiques (projets génomes ou séquençage à haut débit). Une étude préliminaire (stage de M2 en cours) nous a montré que de nombreuses séquences de bonne qualité sont disponibles pour une quinzaine d'espèces appartenant aux trois grands groupes de primates : 6 grands singes, 8 singes de l'ancien monde et 2 singes du nouveau monde. Les méthodes informatiques, bioinformatiques et statistiques dédiés à l'analyse des séquences sont partiellement en place au sein de l'équipe suite, notamment, au travail de thèse de Lauriane Cacheux. Les ressources informatiques, serveurs de calcul et serveur web, sont disponibles au Muséum via la plateforme de bioinformatique du département RDDM. Les risques sont donc relativement limités.

### **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

- Semestres 1 et 2: extraction des données présentes dans les banques publiques et mise au point d'une méthode permettant d'identifier les sous-familles d'alpha-satellites chez les différents primates étudiés. - Semestres 2, 3 et 4: étude des familles identifiées, étude des pressions de sélection sur les éléments fonctionnels connus et

recherche d'éléments inconnus. - Semestre 5 : Intégration des données dans la base développée au sein de l'équipe. - Semestre 6: Finalisation des articles et rédaction du manuscrit de thèse.

### **Profil du candidat recherché**

Le doctorant devra posséder de solides connaissances fondamentales en génomique et en évolution ainsi que de fortes compétences en programmation (python, bash, ..), en statistiques (maîtrise du logiciel R, modélisation) et, de façon plus générale, en analyse de séquences nucléiques (alignement, phylogénie, ... ).

**UMR7209, Archéozoologie, archéobotanique : sociétés,  
pratiques et environnements**

## **Dynamique des formations végétales et gestion du combustible dans la région du Kopet Dagh (frontière irano-turkmène), du Néolithique à l'âge du Fer (8ème-1er millénaires av. notre ère)**

**Equipe :** Sociétés, animaux et plantes en Asie et en Afrique (dir. M. Mashkour)

**Directeur de thèse HDR :** Margareta Tengberg

**Contact :** [tengberg@mnhn.fr](mailto:tengberg@mnhn.fr)

### **Descriptif du sujet de thèse**

Les combustibles, utilisés pour alimenter feux domestiques et artisanaux, constituaient une ressource centrale dans les sociétés du passé et ont été préservés sur les sites archéologiques sous forme de restes carbonisés. Lorsque le bois se faisait rare, notamment en milieu aride, des matières issues des activités agro-pastorales (sous-produits du traitement des récoltes, fumier, déchets de taille d'arbres fruitiers...) pouvaient s'y substituer. Le sujet de thèse proposé vise à mettre en parallèle l'évolution du couvert végétal et la gestion des combustibles autour du Kopet Dagh, massif situé au sud-est de la mer Caspienne, sur la frontière irano-turkmène. Très riche en vestiges archéologiques, cet espace attire actuellement des équipes de fouille du monde entier qui y travaillent en collaboration avec les archéologues locaux. Dans un premier temps, l'étude des assemblages anthracologiques (charbons de bois) de plusieurs sites archéologiques permettra de reconstituer les formations végétales et leur évolution sur une durée de plus de 6000 ans, sous le double impact des activités humaines (élevage, agriculture, coupe du bois...) et du changement climatique. La période considérée s'étend des premiers villages néolithiques à la fin du 8ème millénaire jusqu'aux centres urbains de l'âge du Fer (1er millénaire av. notre ère). Trois sites archéologiques ont été sélectionnés en raison de leur situation dans des zones d'écotone (steppe-montagne) riches en ressources naturelles, de l'abondant matériel organique qu'ils fournissent et de leurs longues séquences d'occupation : Sang-e Caxmaq (7100-5300 BC) et Tepe Chalow (3500-1800 BC) en Iran et d'Ulug Depe (6000-400 BC) au Turkménistan. En second lieu, les stratégies d'acquisition des ressources ligneuses seront plus précisément abordées par l'étude des calibres des bois exploités qui permettra de déterminer la nature des formations forestières (taillis, futaie) et la manière dont elles étaient exploitées. Cette approche, encore peu développée en anthracologie, fait actuellement l'objet d'importants travaux méthodologiques au sein de l'unité d'accueil auxquels participera le doctorant. Enfin, l'analyse de la composition générale des assemblages botaniques permettra d'évaluer l'importance des autres sources de combustible utilisées dans le passé. La mise en relation de ces différentes données, ainsi que celles issues d'autres disciplines (archéologie, archéozoologie, géo-archéologie...), constitue un enjeu majeur de la thèse. Cette confrontation doit permettre de comprendre l'évolution des économies de combustible en relation avec les modifications du couvert végétal, de la démographie et des pratiques agro-pastorales.

## Résultats attendus

Les résultats escomptés du travail de thèse portent premièrement sur la reconstitution des paléo-environnements holocènes dans une région où les études polliniques sont peu développées en raison des conditions d'aridité. L'analyse des assemblages anthracologiques de plusieurs séquences longues permettra de produire une première synthèse sur la dynamique des formations végétales de part et d'autres du massif de Kopet Dagh. Les données sur la gestion du combustible, inédites dans ce contexte, permettront de lancer une nouvelle dynamique scientifique dans le cadre des archéologies iranienne et centre-asiatique. Parallèlement à la production de nouvelles données, le travail de thèse contribuera à développer des questions méthodologiques liées à l'estimation des calibres du bois et à la détermination botanique des taxons de la région concernée

## Stratégie de publication

Situé à l'interface entre les Sciences humaines et Sciences naturelles, le sujet de cette thèse permet d'envisager la publication sur des supports variés : revues spécialisées en paléo-environnement (Holocene, Quaternary International, Vegetation History and Archaeobotany...), en archéologie (Journal of Archaeological Science, Antiquity, Iranica Antiqua...) ainsi que dans le cadre monographies préparées pour chacun des sites archéologiques concernés.

## Réorientation possible du sujet

Le sujet proposé comporte très peu de risques d'échec étant donné que l'essentiel du matériel d'étude ainsi que les référentiels sont déjà disponibles au Muséum national d'Histoire naturelle. Par ailleurs, des études préliminaires ont permis de mettre en évidence le potentiel de ce matériel qui permet de répondre à la double problématique annoncée : reconstitutions paléo-environnementale et paléo-ethnobotanique.

## Faisabilité du 3 ans (échancier)

Si la majeure partie du matériel d'étude (restes archéobotaniques carbonisés, extraits des sédiments archéologiques par la méthode de la flottation) est déjà en France, deux missions sur le terrain sont néanmoins prévues durant la première année de la thèse. Il s'agit pour le doctorant de participer aux fouilles archéologiques de Tepe Chalow et Ulug Depe pour se familiariser avec les contextes archéologiques et environnementaux des sites et collecter du matériel supplémentaire. La plus grande partie de la première année tout comme la deuxième seront consacrées à l'analyse des assemblages en laboratoire (identifications, mesures des calibres). La troisième année verra la rédaction du manuscrit et la préparation d'articles de synthèse.

## Profil du candidat recherché

Le candidat idéal possède de bonnes connaissances à la fois dans le domaine des Sciences du vivant (biologie végétale) et en archéologie. Une spécialisation durant le Master en archéobotanique (anthracologie, xylologie, carpologie) constitue un atout.

## **La pêche du Néolithique à l'Age du Bronze dans le Sud-Est de la péninsule arabique (Sultanat d'Oman)**

**Equipe :** Milieux littoraux et ressources aquatiques

**Directeur de thèse HDR :** Philippe Béarez

**Contact :** bearez@mnhn.fr

### **Descriptif du sujet de thèse**

Alors qu'au Moyen Orient, vers le début de l'Holocène, on voit se développer le schéma des premières sociétés agro-pastorales, l'Arabie semble opter pour un autre modèle de développement. Ainsi, des groupements de chasseurs-pêcheurs-collecteurs s'établissent le long des côtes, près d'anciens estuaires, lagunes, mangroves, afin d'obtenir un large éventail complémentaire de ressources. L'exploitation du milieu marin y est omniprésente et se retrouve dans les objets culturels (perles), techniques (hameçons en nacre) et les vestiges alimentaires (restes ichtyofauniques et malacologiques). Elle peut se montrer très spécialisée et contrastée, allant de l'exploitation privilégiée des ressources de mangrove à la capture de grands pélagiques qui fréquentent les rivages. A la fin du Néolithique (fin du IVème millénaire début IIIème) s'opère une transition culturelle bien visible qui semble accompagner l'évolution vers un climat plus aride attestée à cette période. L'occupation du territoire semble devenir plus diffuse le long du littoral et la pêche paraît se tourner vers le large. L'étude de la pêche est donc un élément essentiel pour la compréhension de ces sociétés côtières. Les restes archéo-ichtyofauniques, pourtant quasi systématiquement oubliés des études, sont indispensables dans toute recherche menée sur la côte de cette région. Le sujet se présente donc sous la forme de l'analyse du matériel archéo-ichtyofaunique de plusieurs sites majeurs, Ra's al-Hamra 6 (5400 – 4400 av. J.-C.), Ra's al-Hamra 5 (4200 – 3300 av. J.-C.), Ra's al-Hadd 5 (fin Vème – IIIème millénaire) et Ra's al-Hadd 6 (3200 – 2700 av. J.-C.). L'étude de ces sites, distribués de Mascate à la pointe Sud-Est de la péninsule, choisis en fonction de leur couverture chronologique et de leurs positions géographiques, aura pour but d'essayer de dissocier les effets environnementaux des effets culturels dans le choix des implantations humaines. L'importance d'éventuels changements climatiques sera aussi recherchée au travers de l'évolution des spectres fauniques. Ce projet viendra compléter les travaux menés dans la région sur la présumée mobilité saisonnière des communautés, qui ont pu alterner une occupation du littoral avec celle de sites de l'arrière pays. Pour cela, des analyses de saisonnalité (squelettochronologie) seront menées à partir des ossements d'espèces bien représentées (une pélagique migratrice et une côtière sédentaire). Un recensement des études sur les autres taxons de la faune aquatique (coquillages, crustacés, tortues et mammifères marins) et une synthèse intégrant les diverses approches sont envisagés, ce qui doit permettre d'obtenir une vision la plus englobante possible du lien avec le milieu marin entretenu par les populations.

## **Résultats attendus**

- Evaluer ce que les informations halieutiques peuvent nous apprendre sur l'évolution des milieux littoraux de la péninsule (notamment la place des mangroves). - Obtenir, grâce à l'étude de sites de milieux différents, une meilleure compréhension des premières sociétés côtières omanaises et montrer leur évolution au tournant du Néolithique/Âge du Bronze, ceci à travers le prisme des relations Hommes / milieu marin. - Apporter des informations nouvelles quant à la mobilité des groupes humains et la possible saisonnalité d'occupation des sites, grâce à la lecture du signal donné par l'ichtyologie.

## **Stratégie de publication**

Les résultats, de fait novateurs en l'absence de données publiées à ce jour, seront présentés dans des supports internationaux (Journal of Island and Coastal Archaeology, Seminar of Arabian Studies, Paléorient, Journal of Oman Studies, Journal of Archaeological Science, International Journal of Osteoarchaeology...)

## **Réorientation possible du sujet**

Dans la mesure où le matériel archéologique et la collection de référence sont déjà au Muséum, aucune réorientation n'est envisagée. Cependant, si des problèmes survenaient, le matériel d'autres sites, encore non étudiés, est disponible dans les réserves du Muséum. Un protocole d'échantillonnage du matériel pourra être mis en place si le matériel se révèle trop important.

## **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

La faisabilité de la thèse s'appuie sur : - Une collection de squelettes de référence très complète réunie depuis 15 années et qui ne cesse d'être augmentée - La disponibilité du matériel archéozoologique bien renseigné et en quantité suffisante pour 4 sites de la période néolithique jusqu'à l'Âge du bronze, implantés en 2 environnements bien distincts.

## **Profil du candidat recherché**

Le candidat devra avoir déjà de solides connaissances en archéozoologie et maîtriser l'anatomie des téléostéens. Un goût pour les problématiques environnementales et une connaissance des milieux aquatiques seront également appréciés.

## **Identification des marqueurs morpho-fonctionnels de la domestication appliqués à l'archéozoologie: approche combinant structures trabéculaire, corticale et morphologie externe**

**Equipe :** Archéozoologie, Archéobotanique : sociétés, Pratiques et Environnements

**Directeur de thèse HDR :** Marie Balasse

**Contact :** balasse@mnhn.fr

**Co-directeur(s) :** Thomas Cucchi

### **Descriptif du sujet de thèse**

La plasticité phénotypique du squelette face au stress de la domestication n'est pas connue. Il n'existe donc à ce jour aucun marqueur morphologique utilisable par les archéozoologues pour identifier des changements comportementaux à l'échelle de l'individu au stade initial de la domestication. Cette lacune est un verrou méthodologique qui nuit à la reconstitution des processus d'émergence d'une des étapes majeures de l'évolution des sociétés humaines.

Les syndromes de domestication utilisés par les archéozoologues sont ceux définis par Darwin en 1868. Leur origine génétique a été mise en évidence par les expérimentations d'hyper sélection du comportement docile sur des populations de renards argentés par Dimitri Belyaev commencée en 1959. Les changements hormonaux induits par cette sélection comportementale ont des conséquences pleiotropiques comme la réduction de la taille corporelle ou la rétention de caractères juvéniles à l'âge adulte (néoténie). Ces deux critères sont très utilisés par les archéozoologues. Malheureusement, ces expressions morphologiques sont les syndromes d'une domestication déjà très avancée. Ils sont donc inadéquats pour identifier les premières étapes du processus de domestication. Pour lever ce verrou méthodologique, une solution serait de s'appuyer, plutôt que sur les changements morphologiques issus de la sélection artificielle, sur la plasticité écophénotypique des ossements face aux changements de style de vie induits par la domestication (mobilité réduite, changement de régime alimentaire, stress psychogénique ...).

L'objectif de projet ANR DOMEXP dans lequel s'inscrit cette thèse est de s'appuyer sur la plasticité des os longs et du crâne face aux changements de leur environnement biomécanique en testant l'hypothèse selon laquelle des animaux ayant grandi dans un contexte de réduction de mobilité présentent des structures osseuses et des trajectoires ontogénétiques différentes de celles des populations sauvages. Cette hypothèse est testée par une expérimentation où deux groupes de jeunes marcassins (*Sus scrofa*) issus d'une même souche sauvage ont été élevés dans deux contextes de mobilité : l'un en stabulation et l'autre en libre parcours dans une ferme expérimentale construite à la réserve de la Haute Touche (MNHN). L'observation longitudinale de la croissance musculo squelettique des individus est enregistrée *in vivo* par scanner médical et IRM. Des observations cross-sectionnelles de populations sauvages et domestiques sont également acquises.

La thèse portera donc sur l'étude des réponses plastiques et des changements de trajectoires ontogénétiques de plusieurs marqueurs ostéologiques : la surface externe des os en trois dimension, la variabilité endostructurale de la diaphyse et l'architecture trabéculaire afin d'obtenir la meilleure ressource pour identifier une réponse plastique à la réduction de mobilité. Ces marqueurs seront adaptés pour être appliqués à des séries archéologiques issues de sites archéologiques français à la transition chronologique entre les derniers chasseurs-cueilleurs et les premiers éleveurs, très souvent fragmentés, afin de reconstituer des phénomènes de transitions dans les modes de vie au cours du processus de domestication.

### **Résultats attendus**

Nous nous attendons à des différences de variabilité des structures internes et externes de l'os au cours de la croissance avec une meilleure résolution du signal dans l'épaisseur corticale et l'architecture trabéculaire que dans les conformations des surfaces articulaires car ces structures internes ont davantage de possibilités en terme de variabilité. Si de tels signaux environnementaux peuvent être détectés sur le squelette, nous aurons de nouveaux outils méthodologiques pour identifier non seulement les premières étapes du processus de domestication mais aussi les perturbations développementales à l'origine des nouveaux phénotypes domestiques.

### **Stratégie de publication**

Cette thèse devrait permettre la production de plusieurs (4-5) articles. Nous prévoyons au moins un article méthodologique dédié à l'étude du signal biomécanique en comparant les trois marqueurs sur le matériel expérimental et moderne pour des revues spécialisées telles que *Journal of Anatomy* ou *Journal of Experimental Biology*. Ensuite, les applications archéologiques feront l'objet d'une ou deux publications ciblées sur la méthodologie de l'application des modèles morpho-fonctionnels à la fragmentation du matériel archéologique pour des revues spécialisées telles que *Journal of Archaeological Science*. Enfin une ou deux publications interdisciplinaires à large impact (*PNAS*, *Nature Communication*, *PlosOne*) pour les synthèses sur l'origine de la domestication et l'apport de cette nouvelle méthode.

### **Réorientation du sujet si possible**

Une réorientation serait nécessaire si aucun des marqueurs ne s'avérait pertinent pour détecter les signaux recherchés. Une réorientation vers une signature moléculaire pourrait être envisagée grâce à la collaboration entamée avec le laboratoire de paléogénétique d'Oxford (Greger Larson) et du Muséum d'Histoire naturelle de Copenhague (Ludovic Orlando) sur les empreintes épigénétiques de la captivité. En effet, au cours de l'acquisition des données CT sont effectués des prélèvements biochimiques adaptés à ce type de recherche.

L'autre risque qui pourrait entraîner une réorientation du sujet serait la perte des données d'imagerie CT et IRM (30 To). Mais ce risque est contrôlé par un répliquât de toutes les images CT et IRM sur le serveur de l'IN2P3 qui sont accessibles via l'intranet du site vitrine du projet DOMEXP (<http://anr-domexp.cnrs.fr/>).

### **Faisabilité sur 3 ans (échancier)**

Cette thèse est parfaitement faisable en 3 ans car elle bénéficie de la dynamique du projet ANR DOMEXP.

La première année visera à acquérir de nouvelles collections ostéologiques actuelles et archéologiques, à réaliser la segmentation des données CT et acquérir les données des structures trabéculaires (encadrement plateforme AST-RX). L'étudiant se formera aux approches de la cartographie morphométrique et à l'analyse des trabéculaires (encadrement par Roberto Macchiarelli, HNHP UMR 7194).

La deuxième année sera dévolue à l'étude des co-variations musculo-squelettiques et l'application méthodologique au matériel archéologique (Encadrement par Anthony Herrel et Alexandra Houssaye de l'UMR 7179 et Raphaël Cornette de l'UMR 7205) et leur intégration aux contextes archéologiques (Jean-Denis Vigne, Stéphanie Bréhard et Anne Tresset de l'UMR 7209).

La troisième année sera consacrée à l'écriture de la thèse et à la publication d'articles.

### **Profil du candidat**

Le candidat devra être déjà compétent dans l'analyse d'imagerie tridimensionnelle et la segmentation sous Avyzo. Le candidat aura également de bonnes bases en morphométrie géométrique et en statistiques multivariées. Le candidat devra également présenter un intérêt certain pour les approches bioarchéologiques. Pour le reste, le candidat sera formé au cours de son doctorat.

## **UMR7232 - Biologie Intégrative des Organismes Marins**

## Réponse des algues aux attaques virales: implication des ARN non-codants

**Equipe :** Génomique évolutive et environnementale du phytoplancton (GENOPHY)

**Directeur de thèse HDR** GRIMSLEY, Nigel

**Contact :** nigel.grimsley@obs-banyuls.fr

**Co-directeur(s) :** MOREAU, Hervé, HDR

### Descriptif du sujet de thèse

Pelagic green algae in the class Mamiellophyceae are abundant worldwide, and numerous complete genomes of these tiny organisms have been analysed (1, 2). They are attacked by prasinoviruses, for which several complete 190 kb long genomes have also been characterized (3 - 5), probably the most abundant eukaryotic viruses in the sea (6). In marine systems, viruses are known to play an important role in regulating algal blooms (7). Prasinoviruses are host strain specific (8). We are focusing on the molecular responses of *Ostreococcus tauri* to prasinoviruses, and have already characterised host lines exhibiting differential responses to viral infection: susceptible lines that lyse and release viruses and two kinds of resistant lines, chronically infected and immune (9). We have done RNAseq to analyse the expression of protein-coding mRNAs during infection of susceptible and resistant lines and non-infected controls and we now propose to extend this transcriptomic approach to reveal the full array of RNAs that do not encode proteins (non-coding RNAs, ncRNAs) in both control and infected cells. In the last decade distinct classes of ncRNAs, ranging from small RNAs (sRNAs, 20-50 nt) to long ncRNAs (lncRNAs, up to several thousand of nucleotides), have emerged as major regulators of gene expression in all eukaryotes. In plants, short-interfering RNAs (siRNAs, ~24 nt) and microRNAs (miRNAs, ~21 nt) play a central role in governing viral resistance and in the adaptation to distinct abiotic stresses (10), and long non coding RNA (lncRNAs) can control adaptation to environmental conditions (11). In unicellular algae the identification of ncRNAs by RNA Seq has been restricted to the sRNA fraction in *Chlamydomonas reinhardtii* and three distinct species of diatoms. Potential gene homologs encoding DICER and AGO, essential proteins for miRNA and siRNA biogenesis in higher organisms have been identified in these species (12). In *Chlamydomonas* miRNAs regulating gene expression were identified (13). In diatoms two abundant fractions were identified: sRNAs associated to repeated sequence and transposable elements, likely involved in silencing of these elements and tRNA-derived tsRNAs arising from cleaved tRNAs. The role of these tsRNAs remains unknown (14, 15). In *Ostreococcus* species DICER or AGO gene homologs have not been identified (14), but the possibility that they exist cannot be ruled out, if their sequences are very divergent, as observed in *Trypanosoma*, which nevertheless exhibit gene silencing by RNAi (16). Indeed in *Ostreococcus tauri* there is a potential gene homolog of an RNase III, which could

replace DICER, which is an RNase III-type enzyme. In addition, we have predicted several intermediate size ncRNAs (im-RNAs) of 60 to 250 nt in the *Ostreococcus* genome. These correspond to the snRNAs controlling splicing and several snoRNAs, involved in ribosomal RNA processing and modification. We also predicted 5 tRNAs in *Ostreococcus tauri* viruses (3). A preliminary analysis of the RNA seq data obtained from *Ostreococcus* samples indicates that these viral tRNAs are expressed. Additional classes of viral ncRNAs might also play important roles. For example, pervasive transcription of Herpesvirus genome generates two lncRNAs that are functionally important for the viral life cycle (17).

### **Objectives.**

We will perform an RNASeq approach to elucidate the full array of host and viral ncRNAs, including the small RNAs, the im-RNAs and lncRNAs responding to OtV5 infection in *Ostreococcus tauri*. This will:

- (i) Produce the first “complete” landscape for ncRNAs in unicellular algae,
- (ii) Identify ncRNAs expressed from prasinovirus genomes
- (iii) Correlate the ncRNA profile with the protein coding mRNAs profiles to select promising ncRNA candidates and protein gene targets to unravel the basis of susceptibility and/or resistance in host lines.

### **Procedure.**

Total RNA samples from (1) uninfected cells, (2) infected cells (3) virus-resistant cells and (4) chronically infected cells have been produced and fractionated into two sizes of small RNAs. RNAseq analyses of these fractions has recently been done commercially and we have now the sequence data from all the cell samples. A preliminary survey of this data has confirmed expression of three families of known ncRNAs, including host tRNAs, snRNAs and snoRNAs. In addition we also detected expression of viral tRNAs. This shows that RNAseq of ncRNA fractions has been successfully achieved.

The next steps, corresponding to the first part of the PhD project will be a detailed analysis of this sequence data. By alignment with the reference genome and by comparison with databases, the small RNAs and intermediatelength RNAs (im-RNAs) of *O. tauri* and those derived from the virus will be identified. In addition, lncRNAs will be identified in the already available sequences obtained from a polyA mRNA fraction sequenced by high-throughput paired-end sequencing from similar control and infected cells. This bioinformatics analysis will implicate collaboration with Prof. Klaas Vandepoele, (Bioinformatic Center, Gent University) who has strong expertise in RNAseq data analysis.

Candidate ncRNA that may be involved in host-virus interactions will be analysed during the course of the infection cycle by quantitative RT-PCR. Finally in the third part of the project expression of all validated ncRNAs will be correlated with the mRNA

transcriptome to identify potential regulatory ncRNAs that positively or negatively potentially regulate protein-coding genes.

This work will open new perspectives for understanding the molecular basis of susceptibility and resistance to viruses in unicellular marine algae.

### **Résultats attendus**

Genome-wide description of ncRNA in *O. tauri*.

Identification of host and viral ncRNA involved in the viral infectious cycle.

Identification of host and viral ncRNA involved in resistance to viruses.

Description of tRNA in healthy, virus-infected and virus-resistant cell lines.

### **Stratégie de publication**

We foresee 3 publications. A first will concern all of the ncRNA identified in *O. tauri*, including sRNA and imncRNAs, that have not been investigated in unicellular algae. A second will report on host and viral ncRNAs involved in viral infections, and a third will be the comparison of tRNAs in healthy and infected cell lines, in parallel with studying the dynamics of viral protein synthesis, to find out why the virus expresses these tRNAs.

### **Réorientation possible du sujet**

One possible hurdle is that the identification of non-coding hoost or viral ncRNAs that are induced specifically in response to the virus. Preliminary analysis of RNAseq data show that ncRNAs (tRNAs, snRNAs et sno RNA) are present, confirming the quality of the RNAseq and the data produced. We will in any case be able to identify the numerous ncRNA, including sRNA and im-ncRNA that have not yet been observed in unicellular algae. This will lead to a publication. Similarly, the analysis of the expression of tRNAs, that must play an essential role in the adaptation of host gene expression to viral particle production, should yield new and interesting results.

### **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

RNA-seq data are already available and the project can start immediately. The 1st stage (0-12 months) will be to analyse the data and identify ncRNA. Secondly we will study the relationship between the transcriptome and new ncRNA that might regulate gene expression, and thirdly we will write and submit publications.

### **Profil du candidat recherché**

Some knowledge of bioinformatics and some knowledge about molecular biology techniques would be an advantage.

**UMR7618, Institute of Ecology and Environmental Sciences  
iEES Paris**

## **Diversité morphologique des ouvrières chez les insectes sociaux : plasticité phénotypique adaptative ou sélection relâchée ?**

**Equipe** : Interactions sociales dans l'évolution

**Directeur de thèse HDR** : Mathieu Molet

**Contact** : mathieu.molet@upmc.fr

**Co-directeur(s)** : Claudie Doums

### **Descriptif du sujet de thèse**

Le partage des tâches dans les sociétés animales est souvent associé à la variabilité comportementale et morphologique des individus. Chez les insectes sociaux, des castes morphologiques distinctes reine et ouvrière se spécialisent respectivement dans la ponte et dans la maintenance de la colonie. Au sein même de la caste ouvrière, une variation morphologique existe chez de nombreuses espèces, discrète (sous-castes) ou continue. Cette diversité résulte principalement de la plasticité phénotypique. La diversité continue est la plus fréquente mais reste peu étudiée, de sorte qu'on ne sait pas si elle résulte d'une sélection pour son maintien ou d'une absence de sélection (sélection relâchée). Ce sujet de thèse vise à identifier (1) les composantes génétiques et environnementales (sociales ou non) déterminant la diversité phénotypique pour un trait simple, la taille, fortement lié à la division du travail et (2) les coûts et bénéfices de cette diversité pour les colonies. Le modèle proposé pour ce sujet est la fourmi *Temnothorax nylanderi*, une espèce répandue en Europe occidentale dans les habitats forestiers et formant de petites colonies.

### **Résultats attendus**

Des différences entre colonies à ouvrières ou larves homogènes montreraient que la diversité de taille des ouvrières est d'origine génétique (resp. indirecte ou directe). Si la diversité est bénéfique pour la colonie, l'influence des fluctuations de température serait faible et celle de l'environnement social forte. Si elle est coûteuse, seules les grandes colonies pourraient la maintenir. Elle pourrait rendre les colonies plus efficaces et serait donc sous sélection positive. Ce postulat commun n'a été que peu démontré. Inversement, l'absence de bénéfice suggérerait que la vie en société diminue les pressions de sélection sur la taille des ouvrières. L'environnement extérieur influencerait alors la diversité des ouvrières. Cette thèse apportera des arguments en faveur ou défaveur d'un bénéfice à la diversité morphologique des ouvrières.

### **Stratégie de publication**

Le sujet proposé devrait permettre une première publication rapide à l'issue de la première année de thèse (partie 1), et ce indépendamment de la direction des résultats

obtenus. En effet, ce type de manipulations des colonies n'a été réalisé que très rarement et sans considérer la diversité de taille des ouvrières. Le protocole expérimental étant chargé, les effets environnementaux externe (température) et interne (effectif) seront issus de deux expériences séparées permettant deux publications. L'absence de risques dans cette première partie assurera ainsi une transition sereine vers une expérimentation plus libre pour le doctorant (partie 2) qui pourra faire appel à plus d'autonomie et aux compétences acquises lors de la première année.

### **Réorientation possible du sujet**

Le risque d'échec est négligeable sur la partie 1 ; *T. nylanderi* est facile à récolter, manipuler et élever, et l'équipe maîtrise cela. Concernant la partie 2, nous n'avons jamais élevé *T. nylanderi* en conditions semi-naturelles, mais cela a été fait avec une autre espèce. Le marquage des individus garantira que les colonies retrouvées soient les bonnes. Nous pourrions réaliser cette expérience au jardin écologique du MNHN qui abrite *T. nylanderi*. Le sujet peut être réorienté sur l'adaptation aux habitats anthropisés avec une étude comparative de la diversité de taille des ouvrières des populations urbaines ou rurales. Elles pourraient répondre différemment à des perturbations ou polluants lors d'élevages en conditions contrôlées. Le sujet principal générera en plus des données publiables sur la taille moyenne des ouvrières.

### **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

Année 1 - aut : récolte de colonies, essais de fusions et d'élevage, biblio, protocole - hiver + print : récolte, 1ère exp de la partie 1 (effet effectif), collecte des résultats - été : analyses, écriture de l'article 1, congrès national de l'IUSSI  
Année 2 - aut : récolte, essais de nids artificiels et enceintes - hiver + print : récolte, 2ème exp de la partie 1 (effet température), collecte des résultats - print + été : partie 2 : installation des enceintes, récolte, manipulation, installation dans les nids artificiels puis dans les enceintes, collecte des résultats, congrès international de l'IUSSI  
Année 3 - aut + hiver : analyses, écriture des articles - print : exp en fonction des résultats et envies (efficacité des colonies au labo, anthropisation), rédaction thèse - été : congrès internat. ESEB si possible - souten.

### **Profil du candidat recherché**

Le candidat doit être titulaire d'un Master 2 en écologie et disposera de solides connaissances en évolution. Il doit justifier d'une expérience pratique au travers de stages en écologie. Aucune expérience particulière sur le modèle insectes sociaux n'est demandée, mais la compréhension théorique des systèmes sociaux est nécessaire. Un bon niveau en anglais rédactionnel est apprécié ainsi qu'un intérêt pour les analyses statistiques.

## **Boucles de rétroactions entre ingénieurs de l'écosystème et réseaux trophiques bruns dans le contexte des changements climatiques**

**Equipe :** EERI - Ecologie et évolution des réseaux d'interactions

**Directeur de thèse HDR :** Jérôme Mathieu

**Contact :** jerome.mathieu@upmc.fr

### **Descriptif du sujet de thèse**

De nombreuses études montrent que les réseaux trophiques vont être impactés par une augmentation globale de la température, mais les mécanismes impliqués restent encore très mal connus. Dans ce projet de thèse nous proposons d'étudier un mécanisme qui n'a pas encore été abordé, mais qui peut potentiellement faire basculer le système dans des états alternatifs stables. Il s'agira de déterminer dans quelle mesure la température peut moduler la mise en place de boucles de rétroactions entre un ingénieur de l'écosystème central, le vers de terre, et les réseaux brun, c'est dire les réseaux trophiques basés sur les détritux, par des effets de création d'hétérogénéité spatiale de l'habitat. La température détermine fortement les activités des vers car ceux-ci ne peuvent pas réguler leur température corporelle. En conséquence une augmentation de la température devrait impacter le comportement des vers, et par répercussion les organismes dont ils modifient la niche. A notre connaissance, cette boucle de rétroaction n'a pas été étudiée jusqu'ici. Elle est originale dans la mesure où elle est basée sur le couplage de processus non trophiques (construction de la niche) et trophique (prédation et décomposition) entre un ingénieur de l'écosystème et un réseau trophique. Dans ce projet de thèse nous proposons d'explorer cette thématique en couplant expérimentation en laboratoire et modélisation individu centrée. Le modèle sera bâti autour d'une expérience principale, et sera appuyé par des petites expériences plus simples afin d'identifier les mécanismes à implémenter, en particulier vis-à-vis du comportement spatial des proies et prédateurs. Dans l'expérience principale nous manipulerons la température et le degré d'hétérogénéité spatiale créée par les vers (traitement sans vers, avec vers, et un traitement où les structures biogéniques produites seront régulièrement enlevées ou bouchées). L'expérience sera suivie dans le temps afin de déterminer la stabilité du réseau trophique. L'hétérogénéité de surface et dans le sol produite par les vers sera décrite finement par des méthodes d'analyse d'image afin de la corrélérer à la structure du réseau trophique. La structure du réseau sera décrite par des indices classiques de description de réseaux. Le modèle sera individu centré afin de pouvoir prendre en compte les aspects spatiaux, et en particulier d'implémenter différents types de comportements d'exploitation de l'hétérogénéité spatiale par les proies et les prédateurs. Les résultats de l'expérience permettront de tester la robustesse des prédictions théoriques du modèle.

## **Résultats attendus**

Nous nous attendons à de profonds changements de la structure du réseau brun en fonction de l'hétérogénéité créée par les vers car il a été déjà montré que l'hétérogénéité spatiale pouvait modifier la structure des réseaux trophiques. Cependant le sens de l'effet de la température est difficilement prévisible car nous ne savons pas dans quel sens elle va modifier l'activité des vers, et l'hétérogénéité spatiale peut favoriser les proies mais également les prédateurs. Une possibilité est l'émergence d'une boucle de rétroaction positive si les vers favorisent les décomposeurs qui augmentent les ressources pour les vers. La partie théorique permettra d'explorer les conditions de stabilité ou d'extinction du système sous différents scénarios de comportement des vers, des proies et des prédateurs.

## **Stratégie de publication**

Nous attendons au minimum deux publications correspondant à la partie théorique (modèle informatique) et expérimentale de la thèse. Étant donné le caractère novateur du mécanisme étudié, de ses larges conséquences possibles pour le fonctionnement des écosystèmes, ainsi que la thématique des changements climatiques qu'elle adresse, nous pourrions prétendre à publier dans des journaux de haut niveau (Global Change Biology, Ecology Letters, ...).

## **Réorientation possible du sujet**

Ce projet comporte une partie risquée afférant à toute démarche expérimentale. Cependant ce risque est contrebalancé par la grande expérience de la manipulation expérimentale de l'encadrant principal (Jérôme Mathieu) sur ces modèles biologiques. Par ailleurs l'expérience ne comporte pas de difficulté majeure de mise en place, a une durée limitée dans le temps, et peut être lancée plusieurs fois si nécessaire. La partie théorique est parfaitement maîtrisée par l'équipe d'accueil (Elisa Thibault et Nicolas Loeuille) et ne pose pas de difficulté particulière. Dans le pire des scénarios, cette partie peut constituer une thèse à part entière.

## **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

- automne 2016 printemps 2017 expérience principale - été 2017 exploitation des résultats, écriture de l'article expérimental - automne 2017 – hiver 2018 modélisation, petites expériences complémentaires - printemps été 2018 écriture de l'article de modélisation, et sur les expériences complémentaires - été 2018 écriture du manuscrit de thèse (sur articles) - automne 2019 soutenance

## **Profil du candidat recherché**

Étudiant ayant un fort intérêt pour les approches couplant la théorie et l'expérimentation en écologie.

## **Effet du recyclage de l'azote sur la coexistence entre herbes et arbres en savane**

**Equipe** : Ecologie integrative : des mécanismes aux services écosystémiques (EMS)

**Directeur de thèse HDR** : Jacques Gignoux

**Contact** : jacques.gignoux@upmc.fr

**Co-directeur(s)** : Sébastien Barot, Xavier Raynaud

### **Descriptif du sujet de thèse**

L'équipe porteuse de ce projet est reconnue internationalement pour ses travaux sur le fonctionnement des savanes et la savane de Lamto en particulier. Elle est actuellement engagée dans un projet du Belmont Forum (<http://belmontforum.org/funded-projects/impact-human-drivers-fire-agriculture-and-grazing-biodiversity-savannas>) dirigé par J. Gignoux qui porte sur le futur des savanes à l'échelle mondiale. Le devenir des savanes dépend en partie de la coexistence des herbes et des arbres étudiée dans la thèse. Indépendamment de l'importance théorique de la question de la coexistence d'espèces végétales qui a suscité et suscite encore de nombreux travaux, la question de la coexistence herbe-arbre et de la stabilité de la savane est très importante internationalement dans le cadres des changements globaux: on cherche à prédire comment les limites entre forêts et savanes vont évoluer, et comment cela va rétro-agir sur le climat. Par définition, les savanes comportent une strate de graminées (Poacées) et une strate ligneuse. L'existence d'une savane dépend donc de la coexistence de deux types de végétaux très différents et il apparaît souvent difficile d'expliquer pourquoi les arbres n'éliminent pas les graminées. Ils sont plus hauts que les graminées et semblent ainsi capable de les éliminer par compétition pour la lumière. De même les arbres sont enracinés plus profondément dans le sol que les graminées, ce qui peut leur donner un avantage dans la compétition pour l'eau et les nutriments du sol. La thèse vise à tester par la modélisation l'impact d'un nouveau mécanisme de coexistence. On sait en effet que les graminées pérennes africaines ont tendance à inhiber la nitrification (Lata et al., 2004) et que les arbres ont au contraire tendance à stimuler la nitrification (Lata, données non publiées). Un modèle a déjà montré que le contrôle de la nitrification et une préférence plus ou moins marquée pour l'absorption du nitrate ou de l'ammonium pouvaient permettre la coexistence entre deux plantes (Boudsocq et al., 2009, 2012). Il s'agira de construire un modèle mathématique (système d'équations différentielles) du cycle de l'azote incluant la possibilité du contrôle de la nitrification, puis de passer à un modèle de simulation permettant de tenir compte de l'hétérogénéité spatiale du cycle de l'azote et de la répartition spatiale des arbres et des touffes d'herbe, pour intégrer ces effets à l'échelle d'une parcelle de savane.

## **Résultats attendus**

Les résultats se traduiront par la construction de 3 modèles et de leur analyse: (1) modèle simple non-spatialisé basé sur un système d'équations différentielles, (2) modèle-spatialisé verticalement permettant de prendre en compte les différences de profondeur d'enracinement entre herbes et arbres et la lixiviation du nitrate vers la couche profonde, (3) modèle informatique spatialisé de simulation permettant de prendre en compte les flux horizontaux d'azote et la distribution spatiale des arbres et des graminées. L'analyse des ces 3 modèles conduira à la publication d'au moins 3 articles.

## **Stratégie de publication**

La thèse devrait au minimum permettre de publier, un article par modèle développé, donc 3 articles. En fait, la thèse permettra très probablement à terme de publier plus d'articles: (1) d'une part l'analyse poussée du modèle de simulation permettra de produire des résultats pour plusieurs articles, (2) les modèles analytiques permettant facilement de développer différentes variantes à partir des mêmes modèles, les deux modèles déboucheront donc aussi à terme sur plus de deux articles.

## **Réorientation possible du sujet**

On se rend parfois compte au cours du développement d'un modèle que l'on est arrivé à une impasse. Il sera par contre facile dans un tel cas de construire des modèles alternatifs, incluant d'autres hypothèses/mécanismes de coexistence.

## **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

Les deux premiers modèles (modèles mathématiques) seront développés rapidement au cours de la première année. Et l'article correspondant au premier modèle devrait être soumis à la fin de la première année. La deuxième année et la moitié de la troisième année seront consacrées au développement du troisième modèle (modèle de simulation informatique). Les six dernier mois seront consacrés à la rédaction (soumission de l'article sur le deuxième modèle, rédaction d'un article sur le troisième modèle).

## **Profil du candidat recherché**

Doctorant avec des capacités de modélisation, à la fois en utilisant des outils mathématiques et des modèles informatiques de simulation.

## **An Integrative study of organismal responses to environmental change using *Austrolebias* annual killifish as a model system.**

**Equipe :** Phenotypic Variability and Adaptation (VPA)

**Directeur de thèse HDR :** Anthony Herrel

**Contact :** tvdooren@gmail.com

**Co-directeur(s) :** Tom Van Dooren

### **Descriptif du sujet de thèse**

We need to predict the eco-evolutionary responses to climate change of populations of many species of plants and animals. Expectations are that besides temperature changes, frequencies and intensities of drought will change in a regional manner. The responses of organisms will involve phenotypic plasticity, delayed responses due to transgenerational plasticity (parental effects), and selection responses based on genetic variation. This project will document immediate and delayed effects of environmental state on multivariate life histories (stage-specific survival & rates of development and growth) and stage-specific performance (swimming speed, prey capture success and kinematics) in *Austrolebias* annual killifish (Task1). Together these traits form a set of fitness components that allows estimation of fitness and assessments of adaptation. We will investigate the same traits in hybrid individuals (Task2) for two reasons. (1) Our molecular gene trees suggest that introgression or hybridization has happened in the past. Data on hybrids allows an assessment of whether they would be able to invade or not, or whether they could drive other species to extinction through interspecific interactions. (2) By generating individuals with combinations of traits of parental species, F1 hybrids can allow a better assessment of trade-offs between life history components, and can help to detect evolutionary lines of least resistance. Predictions of responses based on the first set of controlled experiments in this project (Tasks1&2) will be tested further in small artificial semi-natural ponds (Task3), such that we should be able to make first predictions for a field context at the end of this project. Many organisms experience different environments during their life cycle. A typical example are seasonal ponds, which are wet part of the year and the rest of the year dry. Many life history transitions are under environmental control, such that a response can depend on the sequence of environments already experienced in different individual states. Responses to one environment might be adaptively buffered or enhanced by taking into account expected environmental conditions in a different phase of the life cycle. We want to investigate responses to climate change for more involved individual-environment interactions using a multi-species model, our lab stock of annual *Austrolebias* killifish of 25 species. These fish originate from temporary ponds in Argentina, Brazil and Uruguay where embryos pass the dry season in diapause in the soil. We want to integrate our current knowledge in experiments that span full life histories, and use whole-organism performance measurements to predict survival in the field and relate it to environmental life history variation in different parts of the life cycle.

### **Résultats attendus**

1. In concatenated experiments on 10 species, we vary environmental parameters in each stage (temperature, wet/dry). 1A. We mate adults and collect data on egg number and size. 1B. Egg/embryo development and survival are individually monitored. 1C. We measure swimming performance at hatching/ten days/maturity and estimate individual growth curves. 1D. We collect data from mature individuals as in 1A and test for effects of the environments experienced. 2 We produce hybrid individuals of ten crosses with parental species chosen among the ones in 1A and carry out the experiments 1A-D on them. 3. We establish small artificial populations in a greenhouse where we manipulate environmental regimes (increase average T, arrival of drought). We follow embryonic development and survival, and measure performance in juveniles and adults.

### **Stratégie de publication**

Tasks 1-3 will each be published separately in international ISI referenced journals with the PhD student as first author. Where needed, results from tasks one and two may be further divided over separate publications. Task 4. We will review our work above (Tasks 1-3) and write out predictions for climate change responses in field populations of *Austrolebias*.

### **Réorientation possible du sujet**

There are no major risks in our plan. All elements have been carried out in previous experiments. We know that embryos that have experienced drier conditions have higher mortalities in late development, and hatch with a larger probability. Development is faster at higher temperatures, with elevated mortality. We have demonstrated parental effects on egg size. Egg size influences embryonic survival, development and hatchling fish size. Across species, egg size – parental size reaction norms vary in slope, but relative growth rates of juveniles seem constant. We have obtained hybrid F1 alevins in sufficient numbers to do experiments in six out of seven crosses we tried so far, involving 8 species. If species/crosses are not producing a sufficient amount of offspring, we can substitute with different species with comparable properties.

### **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

Time plan Year 1. Elaboration of research plan. Data collection different species and hybrids (1&2). Year 2. Data collection different species and hybrids (1&2). Start small population experiment (3). Writing of first manuscripts. Year 3. Submission first manuscript for publication. Completion population experiment (3). Completing manuscripts and thesis defense.

### **Profil du candidat recherché**

The PhD candidate will have some experience in animal breeding and collecting individual life history and phenotypic data and will have a theoretical background in life history evolution and functional morphology. She/he will be able to carry out experiments in a relatively autonomous manner, once well instructed by the supervisors. Some experience with writing in English is recommended.

## **Mécanismes et conséquences démographiques de la flexibilité adaptative de la croissance corporelle**

**Equipe** : Ecophysiologie évolutive

**Directeur de thèse HDR** : Sandrine Meylan

**Contact** : sandrine.meylan@upmc.fr

**Co-directeur(s)** : Jean François Le Galliard

### **Descriptif du sujet de thèse**

La plasticité phénotypique permet aux individus de faire face aux variations environnementales. Compte tenu de la rapidité des changements environnementaux actuels, il est essentiel de mieux comprendre les réponses plastiques des individus et leurs conséquences sur la capacité adaptative des populations naturelles. La taille corporelle est un déterminant phénotypique majeur de l'histoire de vie et de la démographie d'un grand nombre d'espèces (1). Le développement précoce constitue une période déterminante pour les organismes car d'une part ils sont plus vulnérables pendant cette phase et d'autre part elle détermine en grande partie la taille adulte, souvent liée à la fitness (2). La plupart des organismes sont capables de taux de croissance supérieurs à ceux observés en nature (3). L'optimisation de la croissance résulte d'un compromis d'allocation avec d'autres traits impliquant des coûts écologiques et physiologiques (4). Enfin, la flexibilité de la croissance corporelle implique des réponses directes, mais aussi décalées tels que des mécanismes de croissance compensatoire (5). Pour accélérer leur croissance, les animaux augmentent souvent leur consommation de nourriture, ce qui peut augmenter l'exposition aux prédateurs mais aussi les coûts métaboliques. Une croissance accélérée associée à un métabolisme plus important peut entraîner une production plus élevée d'espèces réactives de l'oxygène et conduire à une augmentation des dommages irréversibles des extrémités télomériques des chromosomes (6). Les mécanismes physiologiques spécifiques qui déterminent ces coûts sont encore débattus (7) et leur implication dans les réponses écologiques aux changements globaux restent spéculatifs (8). Nous proposons de résoudre certaines de ces controverses par une étude écophysiologique de la plasticité de la croissance corporelle et de ses conséquences démographiques. Nous nous focaliserons sur l'impact du climat et de la disponibilité des ressources nutritives, et utiliserons le lézard vivipare comme modèle. Au cours d'expériences au laboratoire et en conditions semi-naturelles, nous caractériserons les conséquences d'épisodes de restrictions caloriques et de températures élevées sur la croissance précoce. Nous quantifierons en parallèle le stress oxydatif, le taux métabolique aux différents stades de vie ainsi que l'évolution de la taille des télomères pendant et après les expérimentations. De plus, nous analyserons les déterminants de la variation de la croissance corporelle au sein de 20 populations naturelles suivies dans le Massif Central. Ces travaux serviront à paramétrer un modèle structuré en taille de la dynamique de population. 1-Kooijman 2010. Cambridge University Press. 2-Reeve et al. 2000. J Evol Biol 3-Calow 1982. Am Nat 4-Metcalfe & Monaghan 2001. Trends Ecol Evol 5-Mangel & Munch 2005. Am Nat

6-Von Zglinicki 2002. Trends Biochem Sci 7-Stier et al. 2014. Oecologia 8-Meylan et al. 2012. Phil. Trans. R. Soc. B

### **Résultats attendus**

Les restrictions caloriques peuvent conduire à 2 scénarii : 1-une faible croissance juvénile aboutissant à des adultes de petite taille. Dans ce cas, aucun coût physiologique supplémentaire n'est attendu; 2-une taille à l'âge adulte similaire aux individus non restreints grâce à la croissance compensatoire mais un stress oxydatif important dû au métabolisme accéléré et un fort taux de dégradations des télomères. Les paramètres démographiques seront également impactés. Des températures élevées pendant la phase de croissance juvénile peuvent favoriser la croissance et nuire à la survie du fait des coûts physiologiques. Finalement, la variation des taux de croissance en nature pourraient dépendre des températures minimales et maximales mais également de la durée de la période favorable pour la croissance juvénile dépendante de l'altitude.

### **Stratégie de publication**

Le premier travail d'analyse sera consacré aux données récoltées au cours d'expériences dans des enclos semi-naturels et pourra aboutir à 1 article en premier auteur dès 2017. Les expériences de restrictions caloriques et d'augmentation de la température devraient aboutir à 2 articles en premier auteur au minimum entre janvier et mai 2018. L'étude corrélative menée sur 20 populations naturelles devrait aboutir à 1 article en premier auteur pour le doctorant en décembre 2018 et la possibilité d'autres articles en collaboration avec l'équipe assurant depuis plus de 15 ans ce suivi. Finalement le travail de modélisation devrait également aboutir à une publication en premier auteur en fin de thèse à moins que ce travail ne soit intégré dans une des autres études.

### **Réorientation possible du sujet**

Les différents axes de la thèse étant indépendants en terme d'organisation et de planning, le risque est faible de ne pas pouvoir mener à bien au moins une grande partie du projet. Un réseau de collaborateurs permettra également d'assurer les différents dosages si nous rencontrons des problèmes techniques au sein de l'institut IEES. De plus, le modèle d'étude est bien connu de l'équipe encadrante et toutes les techniques sont connues. Néanmoins, différents jeux de données récoltées au cours de précédents projets portant par exemple sur la densité mais également sur les conditions hydriques seront accessibles au doctorant pour réorienter en partie sa thèse.

### **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

Sept 2016-février 2017 : Analyse d'un premier jeu de données issu d'expériences dans des enclos pour quantifier les variations démographiques du taux de croissance et vérifier si des mécanismes de croissance compensatoire se mettent en place en conditions semi-naturelles. Avril 2017- sept 2018 : Expériences au laboratoire et en conditions semi-naturelles sur les conséquences de restrictions caloriques et de

températures élevées sur la croissance précoce au CEREEP. Avril-Juin 2018 : Quantification des déterminants naturels, notamment climatiques, de la variation de la croissance basée sur un suivi de 20 populations naturelles dans le Massif Central. Janvier-mars 2019 : Conception d'un modèle structuré en taille de la dynamique de population. Les mois non indiqués sont consacrés à l'analyse des données et la rédaction d'articles

### **Profil du candidat recherché**

Le candidat recherché devra avoir de solides connaissances en écologie évolutive et des notions de physiologie animale. La maîtrise de l'outil statistique est demandée du fait des analyses complexes associées à nos différents protocoles expérimentaux. Le doctorat devra s'investir sur le terrain pendant l'ensemble de la période d'activité de l'espèce modèle (mi avril-septembre) et présenter de bonnes compétences de gestion d'équipe. Le doctorant devra également réaliser les dosages physiologiques au laboratoire : rigueur et précision sont nécessaires

**UMR 7208 Biologie des Organismes et Ecosystèmes  
Aquatiques (BOREA)**

## **Biogéographie pélagique de la partie indienne de l’Océan Austral dans le contexte du changement climatique**

**Equipe :** Dispersion larvaire et organisation en milieu austral et insulaire tropical

**Directeur de thèse HDR :** Philippe KOUUBI

**Contact :** philippe.koubbi@upmc.fr

**Co-directeur(s) :** Francesco d'Ovidio, Cédric Cotté

### **Descriptif du sujet de thèse**

Plusieurs travaux dans l’océan Austral ont tenté de définir des écorégions pélagiques qui se distinguent les unes des autres en fonction de leurs caractéristiques abiotiques océanographique ou géographique et par les différents assemblages d’espèces y vivant. La zone subantarctique est une zone d’intérêt dans ces études car elle représente une zone de transition où plusieurs fronts océanographiques majeurs sont présents. Ces fronts ne sont pas des barrières fixes car ils varient latitudinalement en fonction des forçages climatiques. Dans cette thèse, nous nous concentrerons sur la région qui se situe entre les îles des TAAF où on observe un resserrement de certains fronts. Le programme MDCPR est la base de cette thèse grâce à 4 missions qui ont déjà été effectuées à bord du N/O « Marion Dufresne ». Une autre mission est planifiée pour 2017. Le CPR ou Continuous Plankton Recorder est utilisé depuis longtemps dans tous les océans. Il collecte en continu le plancton sur plusieurs centaines de milles nautiques. Les laboratoires BOREA et LOCEAN collaborent par leurs différents projets annuels qui se déroulent de manière simultanée sur le Marion Dufresne. Si BOREA s’occupe de la partie diversité planctonique avec le CPR, le LOCEAN a le programme OISO de suivi à long terme des caractéristiques biogéochimiques des masses d’eaux et le programme THEMISTO sur la détection acoustique du plancton et du micronecton. Le LOCEAN est également spécialisé dans l’étude à méso- et sub-mésoéchelle des structures océanographiques grâce aux données satellites. De nos premiers résultats, on observe au Nord des îles Crozet, des variations spatiales d’abondances des euphausiacés, des copépodes, des amphipodes et des foraminifères pélagiques qui semblent être liées aux variations du Front subantarctique. Grâce à une collaboration avec l’Université d’Angers, nous avons montré les relations entre les zones frontales ou les zones de production primaire avec la distribution de ces espèces. Sur les autres taxons qui doivent être étudiés au niveau spécifique, nous observons des différences interannuelles qui seraient liées aux variations géographiques du Front Subantarctique. Cette thèse cherchera à déterminer quelles sont les barrières biogéographiques des différents assemblages planctoniques. Nous chercherons à vérifier que chaque faune est limitée par différents fronts et qu’il existe des zones de transitions. L’étape suivante consistera à comprendre comment ces associations pourraient être modifiées en fonction des changements climatiques. De la zone subtropicale au continent, grâce aux collaborations liées au programme international Southern Ocean – CPR, on confirmera ainsi une succession d’espèces dont les distributions devraient se déplacer vers le Sud en fonction des changements climatiques.

## Résultats attendus

Les missions CPR se sont déroulées en 2013, 2014, 2015 et 2016 et la mission de 2017 a été acceptée. Parallèlement, les données biogéochimiques et acoustiques ont été acquises. Cette thèse permettra : - de mettre en place des séries d'observations à long terme sur la diversité planctonique. - à partir des identifications, de compléter la base de données [www.biodiversity.aq](http://www.biodiversity.aq) qui a servi à l'atlas biogéographique de l'océan Austral dont Philippe Koubbi est le second éditeur en chef. - d'améliorer les modèles d'habitats potentiels des principales espèces de plancton en se basant sur la relation entre les présences ou les abondances des espèces en fonction des gradients environnementaux. - de modéliser les assemblages planctoniques par écorégion en fonction des structures physiques à mésoéchelle.

## Stratégie de publication

Les résultats des campagnes CPR font et feront l'objet de: - compte-rendus auprès de la commission nationale de la flotte hauturière. - rapports auprès du GACS (Global Alliance of Continuous Plankton Recorder Surveys) - rapports aux TAAF, au Ministère de l'Outre mer et à la CCAMLR (Commission pour la conservation de la faune et de la flore marines de l'Antarctique) dans le cadre de l'écorégionalisation de l'espace marin en vue de la désignation d'Aires Marines Protégées. Les publications potentielles seraient sur: les assemblages planctoniques en fonction des caractéristiques océanographiques, le couplage plancton / poissons mésopélagiques qui seront étudiés parallèlement, les assemblages potentiels avec les changements climatiques. Des communications orales ou affichées seront soumises à la CCAMLR et au SCAR.

## Réorientation possible du sujet

Il n'y a pas de risque sur le sujet car les échantillons sont existants, ils seront complétés par d'autres missions mais leur réalisation ne compromet pas la thèse s'il y a des difficultés. Il y a 539 échantillons pour 2013, 470 pour 2014 et 351 pour 2015. La mission de 2016 vient seulement de se terminer, il faut traiter les bandes de nylons avant de déterminer les échantillons disponibles. Ces données pourront également être couplées aux données historiques sur le plancton autour des îles Kerguelen suite aux travaux de Philippe Koubbi pour la Réserve nationale naturelle marine des Terres Australes Françaises. Enfin, nous avons accès aux données internationales sur le CPR dans l'océan Austral en tant que membre de ce programme. Les données biogéochimiques et océanographiques sont également disponibles ou accessibles.

## Faisabilité du 3 ans (échancier)

sept 2016- dec 2016: taxonomie du plancton et préparation de la mission de janvier-février 2017 janv-fev 2017: mission à bord du Marion Dufresne (avis favorable de la commission flotte nationale) mars - dec 2017: préparation des échantillons, tri, identification, mise en collection et bancarisation des données planctoniques et

acoustiques. janv-fev 2018: mission à bord du Marion Dufresne (demande à faire en septembre 2016) mars - juillet 2018: préparation des échantillons, tri, identification, mise en collection et bancarisation des données planctoniques et acoustiques de la campagne 2018. Recherche de couches satellitaires et analyse des structures à mésoéchelle août - dec 2018: Analyses de données 2019: Analyses de données et rédaction

### **Profil du candidat recherché**

Le candidat devra posséder un Master en océanographie biologique avec de préférence une expertise en analyse du plancton et des compétences en gestion et analyses de données et en cartographie: Système d'Informations Géographiques, Analyses multivariées, Modélisation des habitats et traitement de données satellitaires. Une bonne compréhension de l'anglais écrit et oral est exigée en raison des collaborations internationales liées au projet.

## **Synthèse, rôle et devenir des polymères extracellulaires dans les communautés microbiennes agrégées du lac Titicaca**

**Equipe :** Source et transfert de la matière organique en milieu aquatique

**Directeur de thèse HDR :** Xavier LAZZARO

**Contact :** xavier.lazzaro@ird.fr

**Co-directeur(s) :** Cédric Hubas, Dominique Lamy

### **Descriptif du sujet de thèse**

Le lac Titicaca présente un caractère unique (lac d'altitude tropical) et représente un «hot spot» de biodiversité et d'endémisme, vulnérable aux changements globaux (climatiques et anthropiques) rapides. Ce site est soumis à une eutrophisation rapide et récente, conduisant à l'apparition de blooms phytoplanctoniques localisés et la formation de nombreux agrégats et biofilms. Ceux-ci sont rapidement colonisés par des micro-organismes, qui sont alors susceptibles de jouer un rôle crucial dans leur dégradation. Ce projet de thèse se propose de mieux comprendre (dans un contexte de changement global) les phénomènes fondamentaux d'agrégation des microorganismes. Ces habitats singuliers, dont la matrice de colonisation varie (en quantité et qualité) suivant les zones du lac explorées et la saison, seraient susceptibles d'abriter des communautés microbiennes différentes, présentant des activités métaboliques différentes. Cependant, le lien existant entre les caractéristiques biochimiques de cette matrice et la diversité et l'activité des microorganismes associés reste encore peu exploré. Par ailleurs, ces habitats sont généralement caractérisés par de fortes densités cellulaires, où des mécanismes de communication entre cellules (quorum-sensing) peuvent favoriser les activités hydrolytiques des cellules attachées. Cependant, si l'intensité de ces mécanismes dépend de la nature et la qualité des agrégats colonisés reste encore à définir. Ce projet de thèse comporte 3 chapitres, reposant sur 3 approches différentes: Une première approche consiste en un échantillonnage in situ de ces habitats, propices à la colonisation microbienne de différentes natures (particules, micro-agrégats, biofilms). Cette approche nous permettra d'identifier (i) s'il existe des traits caractéristiques identifiables des communautés microbiennes agrégées (structure des communautés, activités métaboliques, dégradation de la matière organique) par comparaison avec les procaryotes libres dans la colonne d'eau, et (ii) si ces traits varient en fonction de la nature et de l'origine de la matrice colonisée. La deuxième approche sera expérimentale, où des agrégats artificiels, de nature et origine différentes, seront produits en microcosmes disposés sur appareils à rollers. Ceci permettra de faire varier les conditions expérimentales (température, salinité, nutriments) afin de voir si, dans un contexte de changement global, les capacités de colonisation des microbes, la diversité et l'activité métabolique varient, changeant ainsi les principales fonctions et services écosystémiques. La troisième approche s'intéressera à une famille précise de molécules des agrégats (acylated homoserine lactones: AHLs) et permettra de tester les capacités de certaines bactéries, isolées à

partir des agrégats ainsi que dans des biofilms in situ et expérimentaux, à communiquer via des composés impliqués dans le quorum-sensing.

### **Résultats attendus**

- Ecologie des communautés microbiennes : identification de traits caractéristiques des communautés microbiennes dans la colonisation d'habitats plus ou moins agrégés (agrégats pélagiques microscopiques jusqu'aux biofilms) ; Mise en évidence de la variabilité de ces traits en fonction de la nature et de l'origine de la matrice colonisée.

- Changement global : quelles caractéristiques des communautés microbiennes agrégées seront impactées, et quelles pourraient être les conséquences sur les services écosystémiques rendus.

- Quorum-sensing : identification des molécules de communication impliquées dans la colonisation d'habitats de différentes natures (plus ou moins agrégés) et de différentes compositions ; rôle de la communication cellulaire dans les communautés agrégées sous contrainte de changement global.

### **Stratégie de publication**

La première année sera dédiée au terrain et sera l'occasion de réaliser de nombreux prélèvements et d'effectuer des mesures in situ (i.e. fluorescence, télédétection, ...) à différentes saisons. Par expérience, nous savons que le temps nécessaire à l'obtention de résultats significatifs peut être important avec ce type d'approche et que l'écriture des publications issues de cette 1ère campagne terrain débutera probablement en début de deuxième année. Nous avons donc fait le choix d'effectuer plusieurs expérimentations en laboratoire (sur des temps relativement courts) lors de la deuxième année afin 1) de répondre à des problématiques précises et 2) de maximiser les chances pour l'étudiant(e) de valoriser les résultats de son doctorat. Les publications seront au nombre d'au moins 3.

### **Réorientation possible du sujet**

L'implication de l'équipe sur le site ainsi que son environnement budgétaire (projets portés par le directeur et les co-encadrants, cf sources de financements) assurent une base solide (logistique & financière) qui devrait éviter le recours à une réorientation majeure. Des réorientations mineures peuvent cependant être envisagées : - Le troisième volet dédié à l'analyse des composés du quorum-sensing dans les agrégats et les biofilms comporte une part de risque dans la mesure où très peu d'études se sont intéressées à ces composés dans des biofilms et agrégats naturels complexes. Fort de nos collaborations avec R. Lami du laboratoire de Banyuls sur mer ainsi que d'expériences préliminaires menées sur des agrégats marins, nous sommes confiants quant à la faisabilité de ce 3ème chapitre.

### **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

Année 1 : échantillonnage in situ des agrégats au lac Titicaca, sur différents sites contrastés (eutrophisé vs. non eutrophisé), et à différentes périodes du blooms phytoplanctonique. Analyse des échantillons au laboratoire. Année 2 : Approche expérimentale, où des agrégats artificiels, de nature et d'origine différentes, seront produits en microcosmes. Tests de différentes conditions expérimentales

(température, nutriments) afin de voir si, dans un contexte de changement global, les capacités de colonisation des microbes varient. Etude sur ces agrégats expérimentaux d'une famille précise de molécules des agrégats impliquées dans le quorum-sensing. Rédaction article 1. Année 3 : Réalisation éventuellement de nouvelles expérimentations puis rédaction des articles 2 et 3 et rédaction du manuscrit de thèse.

### **Profil du candidat recherché**

Le/la candidat(e) possédera un master en écologie et/ou microbiologie, aura des connaissances en écologie microbienne en milieu aquatique, sera autonome avec un bon esprit d'équipe, des qualités rédactionnelles et orales. Des compétences en chromatographie et/ou en biologie moléculaire (hybridation in situ, séquençage, ...) seront un plus.

## **Croissance et prolifération dans le système nerveux des Mollusques: la seiche *Sepia officinalis* comme modèle d'étude**

**Equipe :** Reproduction et Développement des Organismes Aquatiques : évolution, adaptation et régulations

**Directeur de thèse HDR :** Sébastien Baratte

**Contact :** baratte@mnhn.fr

### **Descriptif du sujet de thèse**

> Problématique Comprendre le processus global de neurogenèse est un élément clé pour comprendre l'évolution des systèmes nerveux au sein des Métazoaires. Dans ce contexte, les céphalopodes sont particulièrement intéressants car ils présentent à la fois un système nerveux hiérarchisé, analogue à celui des Vertébrés, et une architecture nerveuse complètement différente. La croissance rapide de la seiche, *Sepia officinalis*, et ses fortes capacités régénératives en cas de lésion, font de cette espèce un modèle pertinent pour étudier la neurogenèse et la prolifération neuronale chez les mollusques. L'existence de cellules dites souches est hautement probable mais reste à démontrer. Objectifs > Objectif 1 : identifier et cartographier les différentes zones de la neurogenèse au sein des masses nerveuses en développement dans l'embryon: les cellules prolifératives éventuelles, les cellules progénitrices capables encore de mitoses, les cellules neurales et les neurones différenciés. Un stage de M2 (en 2015) a permis de valider l'utilisation chez la seiche d'outils mettant en évidence les processus de mitose et de réplication de l'ADN. Les premiers résultats ont montré que les tissus nerveux en développement montrent très peu de mitoses dans l'embryon. Le travail de thèse commencera par l'étude de la chaîne ganglionnaire des bras. Son aspect cylindrique permet de distinguer les zones proches du neuropile des zones plus distales et donc d'orienter les processus de neurogenèse. Les bras sont également des organes faciles d'accès pour réaliser des lésions permettant de suivre l'apparition de nouveaux neurones mais aussi de réaliser des banques transcriptomiques différentielles (lésés vs. non lésés). L'étude des lobes du cerveau fera suite. Pour identifier les différents types cellulaires, des gènes du développement impliqués dans la neurogenèse sont déjà étudiés. Le gène *elav* a permis de montrer où et quand les cellules neurales entraînent en différenciation (thèse 2010-2013). Son « partenaire », *musashi*, maintient les cellules à l'état prolifératif et nos premiers résultats montrent que des zones *musashi* positives jouxtent celles d'*elav*. Il s'agira d'affiner cette description et d'enrichir nos connaissances par l'étude d'autres gènes (*piwi*, *jumonji*, *vasa*). Des marqueurs de cellules souches seront aussi recherchés pour permettre de multiplier les outils de description. > Objectif 2 : inscrire ce travail dans une approche Evo-Devo et effectuer des comparaisons au sein des Mollusques. Au sein de notre UMR, des collaborations existent déjà avec des collègues travaillant sur l'huître et l'ormeau. Les céphalopodes, avec leur développement direct (c'est-à-dire sans phase larvaire ni métamorphose) soulève de nombreuses questions évolutives et développementales. La comparaison entre familles de mollusques ayant des stratégies développementales différentes permettra ainsi d'en savoir plus sur les mécanismes d'évolution du système nerveux chez les mollusques.

## **Résultats attendus**

Ce travail de thèse permettra rapidement de confirmer et renforcer les premiers résultats que nous possédons déjà. Une organisation centripète semble en effet exister : des zones prolifératives (SoxB1, musashi) en périphérie des structures nerveuses, des zones post-mitotiques et en différenciation vers le centre. L'utilisation des différents marqueurs (marqueurs du cycle cellulaire, expression de gènes, marquages de cellules souches) et la recherche de co-localisations ou de co-expressions permettront d'obtenir une idée claire du processus de neurogenèse.

## **Stratégie de publication**

L'étude du système nerveux des bras, puis des différentes structures nerveuses impliquées dans la formation du cerveau feront l'objet de deux publications distinctes (Objectif 1). Les aspects comparatifs entre mollusques pourront constituer une troisième publication (Objectif 2).

## **Réorientation possible du sujet**

Il y a peu de risques d'échecs dans la mesure où rien n'est décrit et connu. Toute donnée fiable, précise et reproductible devrait donc permettre d'avancer sur la problématique. Des difficultés ponctuelles pourront émerger concernant la recherche des séquences de certains gènes clés ou de certains marqueurs, mais l'expertise de nos collaborateurs chez les mollusques devrait limiter ces difficultés. De même, nos collaborations dans le cadre de projets internationaux (I dex-SU-MITACS, Pr. Croll, Canada) nous permettent toujours d'envisager des solutions de réorientation.

## **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

L'existence d'outils déjà mis au point et validés chez la seiche et l'existence de résultats déjà bien aboutis permettront d'obtenir des résultats rapidement. La faisabilité est également de très haut niveau puisqu'elle repose sur l'expertise de toute une équipe qui travaille et publie sur le modèle seiche depuis des années. Le travail le plus chronophage sera l'étude fine et précise des différents marqueurs aux étapes précoces du développement, ainsi que leur cartographie (analyse d'image et de distribution, statistiques, morphométrie). La mise au point de certains double-marquages sera également un point limitant mais néanmoins réalisable de ce travail.

## **Profil du candidat recherché**

Le candidat recherché devra avoir de solides connaissances en Biologie Animale (et particulièrement marine) et devra maîtriser les notions relatives à l'Evolution (dont la phylogénie). Le candidat devra avoir eu une formation lui permettant d'assurer des techniques de type "Biologie Moléculaire" (immunomarquages, clonage, hybridation in situ) ainsi qu'en Histologie.

## **Dynamique des pressions anthropiques sur les régions biogéographiques de poissons d'eau douce à l'échelle globale : de leur évolution passée aux scénarios futurs**

**Equipe :** Biodiversité et Macroécologie

**Directeur de thèse HDR :** Thierry Oberdorff

**Contact :** thierry.oberdorff@ird.fr

**Co-directeur(s) :** Boris Leroy, Maud Mouchet

### **Descriptif du sujet de thèse**

L'étude des régions biogéographiques connaît actuellement un nouvel essor grâce à des développements méthodologiques et à la disponibilité croissante de phylogénies qui permettent de ré-analyser les régions sous l'angle de leur histoire évolutive. Les zones biogéographiques sont relativement bien connues pour quelques taxa (plantes, oiseaux, mammifères, amphibiens), mais n'ont pas encore été définies à l'échelle globale pour les poissons d'eau douce (sens large). Pourtant, les poissons d'eau douce ont des capacités de dispersion limitées dans un paysage fragmenté par de nombreuses barrières géographiques, contribuant à dessiner des faunes aux caractéristiques très distinctes. Les régions biogéographiques sont donc le fruit d'une lente évolution à l'échelle des temps géologiques, mais sont aujourd'hui sujettes à de profonds et rapides changements dus aux activités humaines : introductions d'espèces non natives pouvant devenir invasives et extinctions. Ces phénomènes agissant sur les faunes de poissons d'eau douce sont susceptibles de redessiner les contours des régions biogéographiques et autres patrons macroécologiques. Etant donné l'importance d'avoir un référentiel biogéographique en écologie, évolution et conservation, il apparaît fondamental de distinguer les régions biogéographiques historiques de poissons dulçaquicoles des régions « anthropocéniques » actuelles et leurs déterminants afin de comprendre et prédire leurs changements. L'objectif de la thèse sera donc 1) d'identifier les régions biogéographiques historiques de poissons dulçaquicoles à l'échelle globale ; 2) d'analyser et modéliser la dynamique des principaux facteurs de changements récents de ces ensembles (introductions d'espèces et extinctions) dus aux activités anthropiques ; 3) d'étudier les impacts de ces changements liés aux activités anthropiques sur la structure spatiale des régions biogéographiques (comparaison historique – actuelle) ; 4) d'élaborer, sur la base des résultats précédents, des projections d'évolution future, voire des scénarios alternatifs selon les résultats (2) et 5) d'étudier les implications en termes de conservation de la biodiversité. Cette thèse s'appuiera sur la base de données sur les occurrences de 14949 espèces de poissons d'eau douce pour 3116 bassins versants à l'échelle globale constituée au sein de l'équipe d'accueil, qui contient également l'information sur le caractère introduit ou natif de chaque espèce dans chaque bassin ; ainsi que sur la base de données FishBase co-hébergée par le Muséum et l'UMR BOREA. Des bases de données librement accessibles seront également utilisées, telles que les bases IUCN pour les extinctions, la base de données FishStatJ pour les activités d'aquaculture. Les méthodes d'analyses utilisées seront basées sur des

développements récents de la théorie des graphes et des réseaux appliqués à la biogéographie, et les techniques de modélisation prédictive.

### **Résultats attendus**

- Ensembles biogéographiques historiques analysés avec les données de répartition - Selon disponibilité des données, validation historique sur la base de données phylogénétiques et fossiles - Changements entre ensembles biogéographiques historiques et actuels dus aux introductions et extinctions - Identification des principaux prédicteurs des taux d'introduction et d'extinction à l'échelle globale : prédicteurs des taux d'introduction et d'extinction par bassin (approche spatiale), prédicteurs des chances d'introduction et d'extinction par espèce (approche traits) - Scénarios d'évolution future des ensembles biogéographiques - Synthèse sur les implications de conservation : lien entre activités humaines et risques d'introductions, quelles opportunités de prévention ?

### **Stratégie de publication**

S'appuyant sur la disponibilité immédiate de la base de données, le doctorant pourra rapidement identifier les régions biogéographiques de poissons d'eau douce et dès la première année soumettre une publication décrivant ces régions pour la première fois. Chacun des résultats attendus fera l'objet d'une publication à destinations de revues à fort facteur d'impact, généralistes (Ecology Letters, Journal of Animal Ecology, etc.) et/ou dans le domaine (Journal of Biogeography, Global Ecology and Biogeography, Global Change Biology, etc.).

### **Réorientation possible du sujet**

Le sujet est ambitieux de par son ampleur et les techniques novatrices proposées pour sa mise en œuvre, mais le doctorant bénéficiera pour cela de la complémentarité des expertises des co-encadrants (biogéographie, ichtyologie, conservation). D'autre part, le sujet ne contient pas de phase de terrain et les données sont déjà disponibles. Un risque concerne l'objectif optionnel de ré-analyse des ensembles biogéographiques historiques avec des phylogénies, dû au manque de données phylogénétiques à une résolution taxonomique fine. Plusieurs alternatives sont possibles : (i) se limiter aux familles (une phylogénie presque complète existe) ; (ii) travailler sur un nombre de taxa restreint ; (iii) utiliser la taxonomie comme substitut ; (iv) utiliser la technique de « grafting » d'espèces sur l'arbre le plus complet actuellement disponible.

### **Faisabilité du 3 ans (échancier)**

Les données étant disponibles, les analyses démarreront la première année. 1<sup>ère</sup> année : - identification des régions biogéographiques historiques de poissons d'eau douce - rédaction d'un premier manuscrit sur ces régions - recherche de données phylogénétiques (notamment via collaboration) / fossiles pour valider les régions historiques 2<sup>ème</sup> année : - le cas échéant, analyse des régions biogéographiques historiques par rapport à la phylogénie, et manuscrit - analyse des changements dus aux introductions et extinctions - rédaction d'un second manuscrit sur ces changements - analyse des facteurs déterminant les introductions à l'échelle globale

et élaboration de scénarios d'évolution 3<sup>e</sup> année - poursuite des analyses de la deuxième année - analyse des implications des résultats pour la conservation - rédaction des manuscrits

**Profil du candidat recherché**

Bases solides en écologie et biogéographie Très à l'aise avec l'analyse de données  
Expérience en programmation sous R

**UMR 7590 – Institut de minéralogie, de physique des  
matériaux et de cosmochimie (IMPMC)**

## **Minéralogie et composition isotopique des phases d'altération des premières roches du système solaire : de l'eau en phase vapeur à proximité du Soleil jeune ?**

**Equipe :** Cosmochimie

**Directeur de thèse HDR :** Jérôme Aléon

**Contact :** jaleon@mnhn.fr

**Co-directeur(s) :** Alice Aléon-Toppani

### **Descriptif du sujet de thèse**

Les planètes telluriques sont caractérisées par des appauvrissements forts en éléments volatils et il est couramment accepté que l'eau de la Terre a été apportée par un bombardement tardif par des corps glacés issus des confins du système solaire. Il existe cependant des indices suggérant que les objets du système solaire interne aient pu être formés en présence de vapeur d'eau dans le disque protoplanétaire. L'objectif de cette thèse est de rechercher un enregistrement de la présence d'eau dans les objets les plus anciens formés dans le système solaire dont on dispose au laboratoire et qui prédatent la formation des planètes: les inclusions réfractaires des chondrites, riches en calcium et aluminium (CAIs pour Calcium-Aluminum-rich Inclusions). Les CAIs sont principalement anhydres et réduites mais contiennent néanmoins des microphases secondaires résultant d'une altération aqueuse. Alors qu'il est largement admis que les phases d'altération des chondrites primitives résultent d'une altération tardive par des circulations de fluides sur un corps astéroïdal, l'étude de CAIs composées (i.e. formées de CAIs distinctes ayant coagulées dans le vide avant accréation sur le corps parent) suggère une phase d'hydratation antérieure à la formation des corps planétaires. Cette thèse visera à caractériser, à l'échelle du nanomètre, la minéralogie de ces microphases par microscopie électronique en transmission (MET), la signature moléculaire de l'eau qu'elles contiennent par spectroscopie infra-rouge au synchrotron (IR) (hydroxyls, eau constitutive, etc.) et leur composition isotopique de H par NanoSIMS. Ce couplage analytique permettra d'étudier le mécanisme de croissance des phases d'altération et l'origine de l'eau d'altération (i.e. issue des régions chaudes ou froides du disque protoplanétaire). Les microphases secondaires des CAIs naturelles seront comparées à celles d'analogues de laboratoires ayant subi soit une altération à pression atmosphérique en conditions astéroïdales soit une altération sous vide partiel dans les conditions du disque protoplanétaire en vue de déterminer leur environnement de formation. La comparaison entre les échantillons naturels et les analogues de laboratoire permettra de démontrer lesquelles de ces phases ont pu se former par des circulations hydrothermales tardives sur le corps parent et lesquelles résultent d'interactions précoces avec un gaz chaud contenant de la vapeur d'eau. Les conditions de formation de ces dernières apporteront des informations sur les pressions partielles d'eau dans le disque protoplanétaire au début de la formation planétaire.

## Résultats attendus

Nous attendons deux types de résultats : (1) Analytiques : développement de nouveaux protocoles permettant de coupler analyse isotopique par NanoSIMS, minéralogie à l'échelle du nm et spectroscopie IR sur les mêmes échantillons. (2) Scientifiques : détermination des mécanismes et conditions de formation des phases d'altération aqueuse des premières roches du système solaire, origine de l'eau d'altération. Le couplage entre les différentes techniques sur les mêmes échantillons permettra de lever les ambiguïtés pouvant rester sur les conditions d'altération des CAIs. Les analogues de laboratoire devraient permettre de réaliser un cosmobaromètre pour estimer les pressions partielles d'eau dans le gaz nébulaire. La mise en évidence d'interactions vapeur d'eau-roches dès le début de la formation planétaire serait un résultat fort.

## Stratégie de publication

Un minimum de trois publications est attendu sur ce sujet. Publication 1 à mi-thèse sur les développements méthodologiques permettant de coupler analyse isotopique de H par NanoSIMS, microscopie électronique en transmission (MET) et spectroscopie infra-rouge (IR) par synchrotron sur des sections ultra-minces. Publication 2 en fin de thèse : étude des échantillons naturels, origine de l'eau d'altération. Publication 3 en fin de thèse : étude des analogues de laboratoire et prédictions sur les signatures attendues en fonction des conditions d'altération. Implications pour le système solaire jeune et la formation planétaire. En fonction des résultats obtenus, les points (2) et (3) peuvent éventuellement faire l'objet de plus de publications, par exemple si un résultat inattendu est obtenu avec une seule des techniques analytiques.

## Réorientation possible du sujet

La nouveauté des analyses effectuées (indépendamment les unes des autres) et le choix des échantillons naturels assurent d'obtenir des résultats scientifiques. Les problèmes pouvant surgir sont donc surtout d'ordre analytique (difficultés attendues pour le couplage entre les différentes méthodes, préparation des échantillons). En cas de problème, le travail pourra néanmoins être effectué en découplant microscopie - isotopie - spectroscopie et en réalisant des analyses séparées dans des conditions plus classiques (ex. analyses isotopiques sur sections polies). Les sections ultra-minces nécessaires à la MET pourront être prélevées au voisinage des zones analysées par NanoSIMS ou directement après analyse. Dans le cas où l'une des techniques rencontrerait une difficulté particulière, l'accent pourra être mis sur les autres techniques.

## Faisabilité du 3 ans (échancier)

Phases d'altération secondaire étudiées dans des CAIs déjà connues de JA et AAT pour les phases primaires. Expertise pour l'analyse SIMS des éléments légers (JA), la

minéralogie par MET et par IR (AAT), la pétrologie expérimentale (AAT) ainsi que plus de 12 d'expérience sur les CAIs (JA et AAT) Une partie des sections ultraminces déjà réalisée par FIB pour entamer directement le travail. Altération des analogues de laboratoires à l'aide d'expériences existantes (IAS et CRPG, Nancy, collaboration déjà entamée). Année 1 : Caractérisation des CAIs naturelles, synthèse d'analogues de laboratoire, développement du couplage MET-NanoSIMS-IR Année 2 : Altération expérimentale des analogues de laboratoire, étude couplée des CAIs naturelles, Publication 1. Année 3 : Etude couplée des analogues de laboratoire. Publications 2 et 3. Rédaction.

### **Profil du candidat recherché**

Formation en sciences de la Terre. Une expérience en minéralogie, pétrologie, géochimie est un plus. Eventuellement en planétologie.

**UMR 9191 – Evolution, génomes, comportement, écologie  
(EGCE)**

## **Bases comportementales et génétiques du succès reproducteur d'un insecte parasitoïde sur un nouvel hôteUMR**

**Equipe :** Description et fonctionnement des communautés d'insectes tropicaux

**Directeur de thèse HDR :** Bruno-Pierre LERU

**Contact :** bleru@icipe.org

**Co-directeur(s) :** Laure KAISER-ARNAULD, Florence MOUGEL

### **Descriptif du sujet de thèse**

Le succès reproducteur des insectes parasites de larves d'insectes phytophages dépend de la virulence du parasite et de la résistance immunitaire de l'hôte. Ces deux composantes varient au sein des espèces, en fonction des populations. La compréhension de ces variations est un enjeu central pour l'utilisation des insectes parasitoïdes en lutte biologique, car il concerne l'efficacité du parasitoïde vis-à-vis de l'insecte cible, sa production sur un hôte alternatif facile à élever, et le risque d'impact sur des espèces non cibles. L'Hyménoptère africain *Cotesia sesamiae*, parasitoïde de chenilles foreuses de plantes herbacées, présente des populations spécialisées sur la sésamie du maïs, *Sesamia nonagrioides*. Toutes n'ont pas la même capacité de vaincre la résistance d'une population européenne de ce Lépidoptère. Les premiers résultats obtenus avec deux populations parasites suggèrent que la population « gagnante » est celle qui injecte le plus grand nombre d'œufs dans la chenille en une seule ponte, en raison peut-être d'une corrélation positive avec l'expression, dans la chenille parasitée, de gènes du parasite inhibant sa réaction immunitaire (gènes de virulence). L'objectif principal de la thèse est d'identifier des mécanismes comportementaux, physiologiques, écologiques, et génétiques de cette différenciation inter-populationnelle du succès reproducteur du parasite sur une nouvelle population hôte. Ainsi, un premier objectif est de confirmer et de comprendre l'origine comportementale des variations de succès reproducteur sur la sésamie européenne, en analysant le lien physiologique entre comportement de ponte et virulence. Une approche sera de faire varier le nombre d'œufs pondus en interrompant la ponte, et d'en évaluer l'effet sur l'expression de gènes de virulence dans la chenille parasitée, et sur son devenir (résistance, ou bien développement des parasites). Un second objectif est de comprendre la stratégie de reproduction des deux populations parasites étudiées, en comparant leur dynamique de répartition des œufs dans des hôtes parasités successivement, et en recherchant des facteurs écologiques explicatifs de la différenciation, comme la disponibilité de la ressource en hôtes dans les localités d'origine. Le troisième objectif est de décrypter l'architecture génétique de traits du succès reproducteur (probabilité de se développer ou non, nombre et sexe des descendants), par recherche de QTL (par « genome wide association study » à l'aide de marqueurs RAD). Les gènes présents sur les QTL seront identifiés grâce aux génomes séquencés de *C. sesamiae* et de *C. congregata* (en cours d'annotation). Pour cerner les candidats impliqués dans les variations de phénotype, on recherchera les gènes qui sont différenciés entre les populations d'origine des parasitoïdes (collab.

Icipe, Nairobi, Kenya), et le rôle de certains gènes candidats dans les phénotypes sera vérifié en inhibant leur expression par ARN interférence.

## **Résultats attendus**

Compréhension du lien entre le comportement de ponte et la virulence envers une nouvelle population hôte. Mise en évidence d'une différenciation de stratégie de reproduction entre deux souches parasites conspécifiques et évaluation de son incidence sur la capacité à passer sur une nouvelle population hôte ; identification de facteurs écologiques impliqués. Identification de QTL et gènes candidats impliqués dans le succès parasitaire sur une nouvelle population hôte. Validation du rôle d'au moins un gène candidat dans un trait de succès reproducteur.

## **Stratégie de publication**

3 publications en premier auteur, 2 en co-auteur, revues à comité de lecture international, +/- spécialisées : - Succès parasitaire de plusieurs populations de *C. sesamiae* sur *S. nonagrioides*, travail en cours, co-auteur (entomo/lutte bio). - Influence du comportement de ponte sur la virulence envers un nouvel hôte, 1er auteur (comport./lutte bio). - différenciation de la stratégie de reproduction entre deux souches conspécifiques, facteurs écologiques et incidence sur la capacité à passer sur une nouvelle population hôte, 1er auteur (comport.) - Identification de QTL et gènes candidats impliqués dans le succès parasitaire sur un nouvel hôte, co-auteur (biol. généraliste/évol.). - Validation fonctionnelle du rôle d'un gène dans un trait de succès reproducteur: 1er auteur (physio).

## **Réorientation possible du sujet**

Les individus recombinants pour la recherche de QTL seront déjà phénotypés et génotypés (voir échéancier). L'ajustement au cours de la thèse résidera donc dans le choix du candidat de s'investir plus dans l'étude comportementale et la recherche de facteurs écologiques de la différenciation entre populations, ou plus dans la validation fonctionnelle de certains gènes, et dans leur choix, en fonction des résultats obtenus et des difficultés rencontrées.

## **Faisabilité du 3 ans (échéancier)**

Elevages, expériences de comportement et bio mol : aide par un technicien et une ingénieure. - Lien entre ponte et virulence : en cours. Fin expérimentations hiver 2016, rédaction publi printemps 2017. - Dynamique de ponte, facteurs écologiques, exp + rédac publi : 2017. - QTL : Phénotypage et génotypage des insectes recombinants en cours, fin en déc. 2016. Analyse bioinfo par F. Mougel et l'ingénieure : vérification, groupes de liaison, carte génétique, stats : en cours. - gènes candidats : annotation des gènes portés par QTL, et recherche biblio de leurs fonctions : par le doctorant, collab. IRBI Tours : 1<sup>er</sup> semestre 2018. - Validation fonctionnelle d'1-2 gènes par

extinction de l'expression. Sur 1 an, collab. Unité DGIMI (Univ Montpellier) + 1 publi:  
fin 2017 à mars 2019 - rédac. thèse : printemps 2019

### **Profil du candidat recherché**

Diplômé d'un master en biologie. Ayant reçu un enseignement en évolution et écologie, génétique des populations, biologie des organismes, biologie moléculaire.

## **UPR2301- Insitut de Chimie des Substances Naturelles**

## **Diversité génétique et moléculaire des communautés microbiennes associées aux termites de Guyane Française. Occurrence de *Pseudallescheria* sp. dans les nids de termites de Guyane française et étude de son métabolome in situ.**

**Equipe :** Métabolites de micro-organismes symbiotiques- Bioinspiration

**Directeur de thèse HDR :** Véronique Eparvier

**Contact :** veronique.eparvier@cirs.fr

**Co-directeur(s):** Raphaël Lami

### **Descriptif du sujet de thèse**

Les insectes sont les êtres vivants les plus représentés et les plus diversifiés sur terre.<sup>1</sup> Ils sont associés à une très grande diversité de micro-organismes (bactéries et champignons). Ces micro-organismes peuvent être mutualistes, commensaux, ou parasites. Les associations insecte/micro-organisme sont bien décrites chez les insectes sociaux incluant les fourmis, abeilles, et certaines espèces de guêpes.<sup>2,3</sup> Cependant, peu de travaux ont été menés jusqu'à présent sur les interactions termites/micro-organisme en-dehors du contexte de trophobioses. Or, l'étude de telles niches microbiennes peu explorées ouvre un potentiel important d'identification de composés impliqués en particulier dans les interactions biotiques (antibiose, coopération,...)

Lors d'une investigation menée précédemment par l'équipe sur la recherche de composés antimicrobiens, un travail d'isolement de souches associées à des termites a permis d'obtenir 6 souches fongiques du genre *Pseudallescheria*, à partir de 3 espèces de termites différentes (sur 8 nids récoltés).<sup>4</sup> Dans notre premier article sur ces souches ainsi que dans un travail récent qui n'a pas encore été publié, nous avons démontré que ces champignons produisent de la tyroschérine, de l'ovalicine (deux composés antifongiques) et de nombreux analogues de ces deux métabolites.<sup>5</sup> Nous comprenons aussi maintenant l'ensemble des voies de biosynthèse de ces métabolites. Il est remarquable de noter qu'une des souches étudiée a été isolée à partir d'un termite ouvrier qui ne présentait aucun autre champignon à sa surface. Ainsi, une hypothèse possible est que le micro-organisme a fourni à son hôte un traitement antifongique efficace (compétition entre souches fongiques). La question de savoir si cette souche était partagée par toute la colonie n'a pas été considérée dans cette étude. Cependant d'autres souches ont été isolées à partir de morceaux de nids laissant supposer un rôle important de ce champignon pour l'ensemble de la communauté.

A ce jour, aucune analyse des communautés microbiennes symbiotiques et de leur potentiel de production de molécules bioactives n'a été entreprise chez les termites de Guyane. L'ensemble de nos données préliminaires suggère que des champignons du genre *Pseudallescheria* peuvent être fréquemment associés aux termites, être échangées entre les individus et se propager sur le nid. En outre, peu d'études se sont focalisées sur la communauté bactérienne cutanée et ses rôles potentiels dans ce système. Ainsi, ce projet de thèse vise à caractériser les communautés de micro-organismes symbiotiques des termites de Guyane, ainsi que

le métabolome des souches isolées. Une attention particulière sera accordée au champignon du genre *Pseudallescheria*. Deux questions structurent ce sujet de thèse :  
1- Le champignon *Pseudallescheria* sp. est-il fréquemment associé aux termites de Guyane française et quels sont ses profils de distribution dans les termitières de Guyane ? Des analyses génétiques et moléculaires de la diversité des communautés microbiennes associées permettront de décrire très finement la complexité de la structure de ces communautés.

2- Quel est le rôle des bactéries et champignons associés aux termites de Guyane ? Des analyses métabolomiques permettront de vérifier la biosynthèse *in situ* de composés antifongiques par les souches de bactéries et champignons de termites, et en particulier par *Pseudallescheria* sp.

Cette thèse s'inscrit pleinement dans les objectifs scientifiques du CEBA puisqu'elle prévoit de caractériser des mutualistes putatifs qui permettent aux espèces de termites de se développer et de prospérer dans l'Amazonie du Nord-Est. Il sera mis en avant la recherche des caractères chimiques permettant d'expliquer le succès écologique des termites.

- (1) Purvis, A.; Hector, A. *Nature* **2000**, *405*, 212.
- (2) Cantlay, A.M.; Clardy, J. *Nat. Prod. Rep.* **2015**, *32*, 888-892.
- (3) Nowak, M.A.; Tranita, C.E.; Wilson, E.O. *Nature* **2012**, *466*, 1057-1062; Yan, S.; Liu, S.; Wu, W.; Zhao, F.; Bao, L.; Ding, R.; Gao, H.; Wen, H-A.; Song, F.; Liu, H-W. *Chem. Biodiv.* **2011**, *8*, 1689-1700; Carr, G.; Poulsen, M.; Klassen, J.L.; Hou, Y.; Wyche, T.P.; Bugni, T.S.; Currie, C.R.; Clardy, J. *Org. Lett.* **2012**, *14*, 2822-2825; Matsui, T.; Tanaka, J.; Namihira, T.; Shinzato, N. *J. Basic Microbiol.* **2012**, *52*, 731-735.
- (4) Nirma Charlotte. Thèse du MNHN, Paris. Les mutualismes insectes-sociaux micro-organismes une source d'inspiration pour la recherche de molécules antimicrobiennes. Janvier 2014.
- (5) Nirma, C; Eparvier, V. Stien, D. *J. Nat. Prod.* **2013**, *76*, 988–991.
- (6) Manjula, A.; Pushpanathan, M.; Sathyavathi, S.; Gunasekaran, P.; Rajendhran, J. *Curr. Microbiol.* **2015**, *72*, 267-275.

## Résultats attendus

Ce projet de thèse permettrait de consolider nos connaissances sur le mutualisme putatif entre les termites et les souches fongiques de *Pseudallescheria*. Nous devrions pouvoir déterminer si oui ou non, et dans quelle mesure, les champignons de ce genre sont répartis entre les termites et bénéfique pour eux. Cependant, nous allons également générer un grand ensemble de données fondamentales sur les communautés de micro-organismes symbiotiques des termites et le métabolisme de ces microbes.

## Stratégie de publication

Nous estimons pouvoir soumettre 3 articles dans des revues à comité de lecture, et effectuer 2 conférences avant la fin du projet. Nous comptons publier nos résultats

dans différents journaux à comité de lecture d'écologie et/ou de chimie (métabolique) comme Environmental Ecology, Journal of Natural Product ou Plos One. Les congrès ou nous souhaitons participer, sont le GA (Society for Medicinal Plant and Natural Product Research) et la sfe (Conférence internationale d'écologie scientifique) ainsi qu'une participation à l'ETEC (école thématique d'écologie chimique).

### Réorientation possible du sujet

L'échantillonnage important limite le risque de ne pas obtenir de souches de *Pseudallescheria*, et plusieurs souches et métabolites sont déjà disponibles au laboratoire. L'isolement et l'identification des symbiontes ne comportent pas de risque ; notre équipe a déjà de l'expérience dans ce domaine.

En vue des résultats précédemment obtenus il n'y a pas de risque concernant le fait que la souche de champignon *Pseudallescheria boydii* ne soit pas retrouvée au niveau de termites ou de termitière et nous avons les points GPS des termitières à partir desquels nous avons déjà isolé ce champignon.

Par contre, il est possible que les molécules antimicrobiennes que sont la tyroschérine et la pseurotine ou des analogues ne soient pas détectées par UPLC-MS. Dans ce cas nous isolerons les souches de ce champignon des termitières où le champignon aura été identifié et nous étudierons son métabolome par UPLC-MS. Cette méthode a déjà été effectuée au laboratoire. Nous pourrions ainsi observer si tous les champignons de ces espèces biosynthétisent les mêmes molécules. Afin de détecter des composés antifongiques pouvant être synthétisés in situ nous pourrions utiliser la méthode OSMAC (One Strain Many Compounds) consistant à utiliser différentes méthodes de culture afin de réactiver des voies de biosynthèse silencieuses afin d'imiter un système écologique.

### Faisabilité du 3 ans (échancier)

#### Programme

Tâche 1 : BIODIVERSITÉ – Etude des communautés, échantillonnage sur le terrain et analyse de la diversité par (i) Mise en culture de souches fongiques et bactériennes associées aux termites et à leurs nids et (ii) Caractérisation par séquençage haut débit (Illumina, ciblant gènes ARNr16S, ARNr18S) des communautés (bactéries et champignons)

Tâche 2 : CHIMIODIVERSITÉ - Extractions et métabolomique

Les échantillons de termites et de nid provenant des nids où les souches *Pseudallescheria* auront été détectées seront analysés à l'aide de plusieurs approches analytiques complémentaires. Des injections directes en spectrométrie de masse à haute résolution (HRMS) seront d'abord utilisées pour vérifier les différences principales et peut-être détecter tyroschérine et ovalicine. Des extraits seront ensuite analysés en chromatographie liquide à ultra-haute performance couplée à la détection par HRMS et Corona. Une dérégulation sera effectuée et les analogues de tyroschérine et ovalicine seront recherchés par alignement sur les standards disponibles. Le cas échéant, les données MS/MS seront générées et analysées avec la technique des réseaux moléculaires, une approche basée la reconnaissance de

motifs de fragmentation afin de découvrir des analogues originaux de tyroschérine et ovalicine. Enfin, les profils métaboliques obtenus à partir des nids et des termites seront comparés aux profils des espèces majoritaires (d'après l'analyse de diversité) afin de faire ressortir la contribution des souches aux métabolomes des holobiontes.

Mois 0 - 12 : Récolte et échantillonnage des termites et de leurs nids en Guyane française.

Mois 6 - 18 : amplification et séquençage des régions 16S et ITS1 des échantillons récoltés

Mois 6 - 30 : Analyse des données

Mois 6 - 33 : Etude des signatures métaboliques des échantillons

Mois 18- 36: Rédaction mémoire doctorat

### **Profil du candidat recherché**

Le candidat devra avoir de bonnes connaissances en chimie analytique et/ ou écologie et des notions de microbiologie. Les profils recherchés sont des Master 2 d'écologie ou de chimie. Une bonne connaissance de l'anglais est nécessaire.