

## Proposition de thèse de doctorat

### **Titre :**

**Bases génomiques de la spéciation écologique chez la drosophile : à l'interface entre la neurogénétique et la biologie de l'évolution**

### **Laboratoire d'accueil :**

Intitulé : Institut Systématique, Evolution et Biodiversité (ISyEB), UMR7205 – MNHN

Adresse : 57 rue Cuvier, 75005 Paris

Responsable du Laboratoire : Dr. GRANDCOLAS Philippe

Responsable de l'encadrement : Dr. YASSIN Amir

Téléphone : 01.40.79.33.27

Email : yassin@mnhn.fr

Co-encadrant: Pr. MARION-POLL Frédéric (Agro-Paris-Tech, Laboratoire EGCE, Gif-sur-Yvette)

Financement de la thèse : ANR JCJC « TOXIPHILA » (2019-2022)

### **Présentation et description du sujet :**

Comprendre comment les organismes s'adaptent à leur milieu est un défi majeur pour les évolutionnistes. Un exemple intéressant est celui du changement de plante hôte chez les insectes car il requiert l'évolution simultanée de plusieurs traits adaptatifs à partir du même génome. Ces changements peuvent mener à l'évolution de l'isolement reproducteur et de la spéciation. Cependant, les facteurs génétiques et évolutifs sous-jacents restent encore mal connus. La spécialisation de *Drosophila sechellia* sur les fruits toxiques du nono (*Morinda citrifolia*) aux Seychelles a longtemps attiré l'attention des biologistes de l'évolution. Nous avons récemment décrit un cas similaire sur l'île de Mayotte avec *D. yakuba mayottensis*, une sous-espèce de l'espèce généraliste afrotropicale *D. yakuba* (Yassin et al. 2016 PNAS 113:4771-4776). Chez ces deux espèces afrotropicales, la spécialisation sur le nono dans les îles de l'océan indien a été accompagnée par l'évolution d'un isolement reproducteur, représentant ainsi un cas unique de spéciation écologique parallèle.

L'objectif de ce projet est de combiner différentes approches de génomique des populations, d'écologie chimique et de génétique fonctionnelle pour identifier les bases génomiques de cette spécialisation convergente. En particulier, nous aborderons deux questions :

#### 1) Histoire évolutive du nono dans les îles de l'océan indien

Les comparaisons des génomes ont estimé la divergence de *D. sechellia* et *D. y. mayottensis* de leurs espèces/sous-espèces généralistes sœurs à 125.000 et 29.000 ans, respectivement. Cependant, nous ignorons encore depuis quand le nono (qui est d'origine asiatique) est présent sur les îles. Cette information est importante pour comprendre le temps requis pour la fixation des mutations bénéfiques dans une population d'insecte lors d'un changement de l'hôte. L'étudiant(e) générera des bibliothèques génomiques pour des spécimens du nono de l'herbier du Muséum National d'Histoire Naturelle couvrant la distribution du nono dans les océans pacifique et indien, ainsi que pour plusieurs individus collectés de plusieurs îles. Ces bibliothèques seront analysées par des méthodes génomiques (RAD-Seq ou genome skimming). L'étudiant(e) analysera ces données afin de reconstruire l'histoire démographique et phylogéographique de l'expansion du nono dans l'océan indien. En particulier, l'étudiant(e) assemblera une séquence de référence, estimera le niveau de polymorphisme nucléotidique et testera différents modèles démographiques afin de détecter celui qui explique le mieux le spectre des fréquences alléliques au sein et entre les îles.

#### 2) Validation génétique des gènes potentiellement impliqués dans l'adaptation aux toxines chimiques sur le nono

Nous avons détecté par comparaisons des génomes entre *D. y. yakuba* (généraliste) et *D. y. mayottensis* (spécialiste) un taux d'évolution élevée chez plusieurs régions du génome. Ces régions sont candidates d'abriter des gènes impliqués dans l'adaptation aux toxines chimiques du nono (les acides octanoïque et hexanoïque) et/ou l'évolution d'un isolement pré-copulatoire asymétrique. Nous avons également généré des populations expérimentales hybrides des deux sous-espèces. L'analyse génomique de ces populations recombinées a identifié des régions génomiques (quantitative trait loci) associées à la préférence des adultes pour le nono ainsi qu'à leur tolérance à ses toxines. L'étudiant(e) testera l'implication de plusieurs gènes candidats (récepteurs olfactifs et gustatifs, enzymes de détoxification) identifiés par les approches de la génomique des populations ou chez les populations expérimentales. En premier lieu, il/elle réduira leurs expressions par le système UAS-Gal4 d'interférence ARN (ARNi) chez *D. melanogaster*. Pour les gènes qui donneront des résultats significatifs par ARNi, une validation fonctionnelle par CRISPR/Cas9 chez *D. yakuba* et *D. sechellia* sera effectuée grâce à la collaboration actuelle avec Dr. David Stern (Howard Hughes Medical Institute, Janelia, USA) où des outils de CRISPR/Cas9 ont été développés pour ces deux espèces.

### **Programme de travail (3 ans) :**

La première année portera sur l'échantillonnage du nono des îles de l'océan indien (en particulier les Seychelles, Madagascar), la préparation des bibliothèques génomiques et aux tests par ARNi de plusieurs gènes candidats. La deuxième année portera sur l'analyse bioinformatique des données génomiques du nono et l'étude par simulation du cadre historique inféré de la phylogéographie du nono sur le taux de fixation des mutations bénéfiques chez *D. yakuba*. Elle comportera également un stage de 3-4 mois au laboratoire de D. Stern à Janelia (USA) pour l'application de CRISPR/Cas9 des gènes dont l'analyse par ARNi aurait donné des résultats significatifs.

La troisième année portera essentiellement sur la rédaction de la thèse et des publications.

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

L'étudiant(e) recherché(e) aurait une forte base en génétique évolutive et fonctionnelle, de préférence avec une expérience sur le modèle drosophile. Une maîtrise d'usage des outils bioinformatiques sera bien appréciée. L'étudiant(e) doit faire preuve de son sérieux, dynamisme, intégration dans la vie d'une équipe et de sa volonté et capacité à travailler en collaboration avec plusieurs chercheurs de pluridisciplinaires (évolution, écologie, génétique fonctionnelle et neurobiologie).

### **Publications significatives du laboratoire d'accueil :**

Encadrant :

1. **Yassin A**, Debat V, Bastide H, Gidasweski N, David JR, Pool JE (2016) Recurrent specialization on a toxic fruit in an island *Drosophila* population. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA* 113:4771-4776.
2. **Yassin A**, Bastide H, Chung H, Veuille M, David JR, Pool JE (2016) Ancient balancing selection at *tan* underlies female colour dimorphism in *Drosophila erecta*. *Nature Communications* 7:10400.
3. **Yassin A\***, Delaney EK\*, Reddiex AJ, Seher TD, Bastide H, Appleton NC, Lack JB, David JR, Chenoweth SF, Pool JE, Kopp A (2016) The *pdm3* locus is a hotspot for recurrent evolution of female-limited color dimorphism in *Drosophila*. *Current Biology* 26:2412-2422. [\* co-premier auteur]

Co-encadrant :

1. Wicher D, **Marion-Poll F** (2018) Function and regulation of chemoreceptors. *Frontiers in Cellular Neuroscience* 12:496.
2. Sanchez-Alcaniz JA, Zappia G, **Marion-Poll F**, Benton R (2017) A mechanosensory receptor required for food texture detection in *Drosophila*. *Nature Communications* 8:14192.
3. McGinnis JP, Jiang H, Agha MA, Sanchez CP, Lange J, Yu Z, **Marion-Poll F**, Si K (2016) Immediate perception of a reward is distinct from the reward's long-term salience. *Elife* 5:e22283.