

Lundi 28 septembre 2015

14h15-15h50 : Évolution des Génomes**Contrasted evolutionary plasticity between plant and animal genomes: a paleogenomics approach****Jérôme Salse**

INRA-UBP UMR1095 Génétique Diversité & Ecophysiologie des Céréales (GDEC), Equipe PaleoEVO : Paléogénomique & Evolution, 5 Chemin de Beaulieu 63100 Clermont-Ferrand, Tel : (33) 04.73.62.43.80 Fax : (33) 04.73.62.44.53 Mob : (33) 06.77.14.00.10 - <http://www4.clermont.inra.fr/umr1095/ppav>

During the last decade, technological improvements in sequencing technologies (NGS) led to the development of large sets of genomic resources permitting the emergence of high-resolution comparative genomic studies in both plant and animal lineages. Paleogenomics research, aiming at reconstructing ancestral genomes of modern living species, allowed us to propose a model in which the plant and animal genomes have evolved from a common ancestors with respectively a basic number of 5 to 13 chromosomes through whole genome duplications (i.e. paleopolyploidization) and translocations followed by lineage specific segmental duplications, chromosome fusions and translocations. These data demonstrates how extant animal and plant genomes are the result of inherently different rates and modes of genome evolution resulting in relatively stable animal and much more dynamic and plastic plant genomes. The established plant and animal ancestral genome, in term of chromosome structure and gene content, offer the opportunity to perform high resolution translational research from models and species of agronomic/medical interest. Efficient genomic transfer, based on accurate paleogenomics data, between mouse and Human as well as Arabidopsis/Brachypodium and cereals will be presented as case examples.

Whole genome duplications, evolutionary radiation and cancer in vertebrate**Hervé Isambert**

H. Isambert, PP Singh, S. Affeldt, G. Malaguti, Institut Curie, CNRS UMR168
hervé.isambert@curie.fr

Whole genome duplications (WGD) have now been firmly established in all major eukaryotic kingdoms. In particular, all vertebrates descend from two rounds of WGDs, that occurred in their jawless ancestor some 500 MY ago and subsequently led to the evolutionary radiation of vertebrates. Similarly, teleost fishes, which include nearly 90% of extant non-tetrapod vertebrates, all descend from a third 300-MY-old WGD event. Paralogous genes retained from WGD have been coined 'ohnologs' after Susumu Ohno, who first hypothesized the existence of WGD in early vertebrates (2R hypothesis). We have recently shown, using multiple synteny comparisons across vertebrate and invertebrate genomes, that ohnologs amount to about 20 to 35% of genes in vertebrate genomes (<http://ohnologs.curie.fr/>). We have also shown that ohnologs are prone to dominant deleterious mutations and frequently implicated in cancer and other severe genetic diseases. Conversely, gene duplicates that arised through small segmental duplications are less frequently implicated in genetic diseases. We further demonstrated that the retention of many ohnologs suspected to be dosage balanced is in fact indirectly mediated by their susceptibility to deleterious mutations. Hence, identifying ohnologs is central to better understand the evolution of vertebrates and their susceptibility to genetic diseases. We argued that this enhanced retention of ohnologs prone to dominant deleterious mutations is a consequence of WGD-induced speciation and the ensuing purifying selection in post-WGD species. These findings highlight the importance of WGD-induced nonadaptive selection in the emergence and radiation of vertebrates, while rationalizing, from an evolutionary perspective, the WGD-expansion of their gene families frequently implicated in genetic disorders and cancers.

Mots-clés : genome duplications, evolutionary radiation, cancer, vertebrates

An evolutionary perspective of genome size variations in *Drosophila*

Annabelle Haudry

Camille Sessegolo*, Nelly Bulet*, Annabelle Haudry** Université de Lyon, Université Lyon1, Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, UMR CNRS 558, 69622 Villeurbanne, Cedex, France
annabelle.haudry@univ-lyon1.fr

Despite an extensive body of research, there is still little consensus on the evolutionary mechanisms driving genome size evolution. One potentially important contributing factor is mobile selfish genetic elements named transposable elements (TEs). As they are thought to be essentially neutral or deleterious, TE's accumulation in a host genome has been proposed to reflect the intensity of genetic drift acting in the host genome. To test this hypothesis on closely related species, we used a phylogenetic framework to analyze genome size and TE content variation of 20 closely related species of *Drosophila*. We used publicly available short reads whole-genome data to estimate TE content in the different species. Ancestral states were reconstructed for genome size and TE content (globally and for each main TE class). We found a significant positive correlation between TE content and genome size, according to the prediction. While some clades appear to have a smaller genomes than the others, no significant phylogenetic inertia was detected on genome size distribution. We will discuss how to increase the statistical power to detect a phylogenetic signal and improve the models used in respects with specific TE's dynamics.

Mots-clés : phylogenetic inertia, genome size, transposable elements, *Drosophila*

Identification of micro evolution in *Escherichia coli* during an infection from whole genome sequencing: mutator strain emergence and evolutionary convergence

Adrien Launay

Adrien LAUNAY^{1,2}, Alexandre BLEIBTREU¹, Jeremie CHATEL¹, Olivier TENAILLON¹, Erick DENAMUR¹ ¹Unité Mixte de Recherche 1137 (IAME-INSERM), Paris, France, ²UPMC, Paris, France
adrien.launay@inserm.fr

Being the cause of intra and extra intestinal infection responsible for more than 1 million death per year, *E. coli* is not just a model organism, it is also a public health concern. It is therefore important to understand the evolutionary forces driving the diversification of this species. We know that the *E. coli* species shows an important variability with less than half of the genes observed in a strain being part of the ubiquitous core genome (Touchon, 2009, Plos Genetics 5). This characteristic can prove to be problematic when trying to assemble a newly sequenced genome by comparing it to a reference as we cannot guess what genes will be present. This constatation proves to be a great challenge when trying to study the evolution of *E. coli*, from isolates sampled from an infection. Here we used a newly developed pipeline combining de novo assembly with reference mapping to a database of 128 fully sequenced and annotated *E. coli* genomes. We show that this approach can be used to reconstruct rearrange and annotate newly sequenced *E. coli*, allowing for the identification of micro evolution during an infection. We sequenced 8 *E. coli* clones from a patient suffering from peritonitis and 7 from another patient with a pyelonephritis. We were able to identify 274 different mutations among all strains and 15 genes that were mutated independently at least twice in the different samples, indicating evolutionary convergence.

Mots-clés : bio-informatics, *Escherichia coli*, infections

16h20 – 18h20 : Démogénétique**Modèle d'inférence en démogénétique environnementale****Arnaud Becheler**

Arnaud BECHELER Laboratoire Ecologie, Génome et Spéciation, Camille CORON - Laboratoire de Mathématiques d'Orsay, Stéphane DUPAS - Laboratoire Ecologie, Génome et Spéciation
Arnaud.Becheler@egce.cnrs-gif.fr

Les changements globaux ont des impacts démographiques importants sur la biodiversité qui laissent des traces sur la diversité génétique. Il devient urgent de pouvoir expliquer le lien entre les processus évolutifs (signal génétique) et les facteurs environnementaux (changement globaux) pour pouvoir informer l'avenir probable des populations de l'espèce d'intérêt. Jusque-là cet effort a été mené par la génétique du paysage, qui cherche à établir des corrélations entre patrons génétiques des populations et variables environnementales. Mais ces méthodes corrélatives sont limitées dans leurs capacités explicatives. Une famille de modèles spatialement explicites, basés sur la coalescence en environnement hétérogène, commence à émerger dans la littérature. Nous proposons ici un modèle original permettant l'inférence par Calcul Bayésien Approché de paramètres écologiques à partir de données génétiques et environnementales, et nous l'expliquons à l'étude du phénomène d'invasion biologique de *Vespa velutina* (frelon asiatique) en France.

Mots-clés : modèle démo-génétique écologie inférence

Tempo and mode of *Astyanax mexicanus* cavefish evolution: a population genomic reappraisal**Julien Fumey**

Julien Fumey, EGCE UMR 9191 CNRS/U. Paris Sud/U. Paris Saclay/IRD Hélène Hinaux, DECA Group, Paris-Saclay Institute of Neuroscience, UMR 9197, CNRS, Gif sur Yvette, France Céline Noiro, Plateforme Bioinformatique Toulouse, Midi-Pyrénées, UBIA, INRA, Auzeville Castanet-Tolosan, France Sylvie Rétaux, DECA Group, Paris-Saclay Institute of Neuroscience, UMR 9197, CNRS, Gif sur Yvette, France Didier Casane, EGCE UMR 9191 CNRS/U. Paris Sud/U. Paris Saclay/IRD & U. Paris Diderot
julien.fumey@egce.cnrs-gif.fr

Populations of blind and depigmented cavefish belonging to the Mexican tetra species *Astyanax mexicanus* are outstanding models to study the tempo and mode of adaptation to cave environment because the phenotypic convergence of these independent populations allows us to examine whether the evolution of similar phenotypes involved the fixation of standing genetic variation and/or de novo mutations. However, we do not have yet accurate estimations of the time frames of evolution of these populations, a prerequisite for such studies. We developed a cheap, convenient and robust method to detect a recently isolated small population and estimate its age. Our approach is based on the fact that there is a transient acceleration of the neutral substitution rate in such a population. We applied this method to estimate the age of Pachón cave population which is considered the "oldest" and most isolated cavefish population. Despite recurrent claims that the isolation of this population is ancient, within the range of the late Miocene to the middle Pleistocene, we obtained evidence that it has been isolated during less than 30,000 years, that is during the Late Pleistocene. This new time frame together with other recent evidence indicate that the many phenotypic changes observed in these cavefish mainly involved the fixation of cryptic genetic variants present in surface fish populations and within a very short period of time.

Mots-clés : cavefish, molecular dating, HTS, SNPs, adaptation

Inference of Human demography using one-parameter models

Marguerite Lapiere

Marguerite LAPIERRE^{1,3}, Cécile DELAPORTE^{2,3}, Amaury LAMBERT^{2,3}, Guillaume ACHAZ^{1,3} : UMR 7205 ISYEB, Atelier de Bioinformatique - Muséum National d'Histoire Naturelle, UPMC, CNRS & EPHE, ² : UMR 7599 LPMA, équipe Probabilités, Statistiques et Biologie - UPMC & CNRS, Paris ³ : UMR 7241 Centre Interdisciplinaire de Recherche en Biologie, équipe SMILE - Collège de France, Paris
margueritelapierre.bio@gmail.com

In this study, we aim at putting into perspective the inferences based on reference models, such as the Wright-Fisher neutral model. Going against the current trend, which tends to multiply the number of parameters under a single reference model, we infer the demography of an African population (Yoruba, data from the 1,000 human genomes project) using a variety of models with only one parameter: the time of foundation of the population. These models are based on the Wright-Fisher standard model with explicit and implicit demography, but also on a branching process (critical birth-death model). Using the folded site frequency spectrum to fit these models to the data, we show that under a certain range of parameters, different models of growth result in almost identical trees: the site frequency spectrum doesn't allow the inference of the demography. This raises the question of our ability to infer a precise demography using summary statistics such as the site frequency spectrum.

Mots-clés : coalescent theory, site frequency spectrum, demography

Histoire, diversité et adaptation des maïs européens

Jean-Tristan Brandenburg

Jean-Tristan Brandenburg^{1,2}, Aurélien Tellier², Johann Joets¹, Alain Charcosset¹, Stéphane Nicolas¹, Maud I. Tenaillon³
¹ INRA, UMR 0320, Génétique Quantitative et Evolution - Le Moulon, 91109 Gif-sur-Yvette, France - ² Section of Population Genetics, Technische Universität München, 85354 Freising, Germany ³ CNRS, UMR 8120, Génétique Quantitative et Evolution - Le Moulon, 91109 Gif-sur-Yvette, France
jean-tristan.brandenburg@moulon.inra.fr

Depuis sa domestication, le maïs a connu une expansion rapide sur le continent américain suivie d'une introduction en Europe à la fin du XV^{ème} siècle. Ces mouvements démographiques sont des marqueurs des "échanges" historiques entre les populations humaines. Ainsi, le maïs s'est adapté à une variété de climats et aux besoins de consommation. Afin d'étudier cette histoire, de préciser les contributions des maïs américains aux maïs européens, et de comprendre les bases génétiques du succès évolutif de cette espèce, nous avons séquencé 67 lignées de premier cycle des principales sources européennes et de leurs potentiels contributeurs américain. À partir de ces données de génomes complets, nous avons développé une méthodologie qui prend en compte les spécificités du génome du maïs – un génome récemment dupliqué et constitué de 85 % d'éléments transposables – pour identifier 21 millions de polymorphismes nucléotidiques avec un taux d'hétérozygotie résiduelle des lignées variant entre 1 et 5%. La structuration génétique révèle 4 groupes distincts : les Cornés du Nord américains et européens (CN), les cornés européens (CE), les dentés du Corn Belt (DCB) et les Tropicaux (T). Nous confirmons que les CN américains sont bien la source des CN européens ainsi que l'identité des CE et DCB. En revanche l'origine caribéenne du matériel espagnol est moins claire. L'analyse des spectres de fréquence et de la diversité révèle un effet faible du goulot d'introduction. Des scans génomiques identifient des régions qui ont contribué à l'histoire adaptative du maïs. Ces résultats sont intégrés à une démarche de modélisation ABC dont les modalités (sélection des polymorphismes orientés ou non, statistiques résumées, scénarios testés) seront présentées.

Mots-clés : Maïs, Démographie, Adaptation, Nouvelle génération de séquençage

L'évolution temporelle de la diversité génétique du blé est-elle structurée spatialement ? Étude de cas en France entre 1980 et 2006

Rémi PERRONNE

Rémi PERRONNE¹, David MAKOWSKI², Robin GOFFAUX³, Pierre MONTALENT¹, Isabelle GOLDRINGER¹

¹INRA, UMR 0320 Génétique Quantitative et Evolution – Le Moulon, F-91190 Gif-sur-Yvette, France ²INRA, UMR 0211 UMR Agronomie INRA-AgroParisTech, Avenue Lucien Brétignières, F-78850 Thiverval-Grignon, France ³FRB, 195 rue Saint-Jacques, F-75005 Paris, France
remi.perronne@moulon.inra.fr

En France, durant la deuxième moitié du 20^{ème} siècle, la généralisation de l'usage de variétés lignées pures associées à un itinéraire technique reposant sur l'usage massif d'intrants a entraîné, en moyenne à l'échelle nationale, une diminution de la diversité génétique. Cette tendance semble cependant varier à une échelle spatio-temporelle plus fine. Nous nous sommes intéressés spécifiquement à la période 1980-2006 sur une soixantaine de départements. Dans le cadre d'une précédente étude, cette période se caractérisait par une relative homogénéisation spatiale des variétés dominantes entre départements et par l'augmentation de la similarité génétique entre ces variétés. Nous avons définis différents déterminants de la diversité génétique observée chaque année dans chaque département sur la base de différentes métriques : (i) la richesse variétale, (ii) l'inverse de la diversité spatiale de Simpson, (iii) l'inverse de la diversité génétique de Nei et (iv) l'indicateur HT*, intégrant le nombre et la répartition des variétés sur les surfaces agricoles et leurs différences génétiques [1]. Sur la base d'une procédure statistique associant lissage, analyse multivariée et clustering, nous avons pu identifier, pour chaque métrique, des groupes de départements présentant la même évolution temporelle, ces évolutions étant relativement contrastées entre groupes le long d'un gradient principal nord-sud. A titre d'exemple, les départements du nord de la France se caractérisent par une augmentation de leur richesse variétale et une diminution de la proportion de surface cumulée des variétés dominantes mais également par une diversité génétique de Nei plus faible semblant expliquer la tendance générale d'une diminution de la diversité HT*. Le pouvoir explicatif de la diversité de Nei a pu être confirmé sur la base d'un modèle linéaire mixte comparant les métriques. Cette étude a permis de mettre en évidence des différences dans l'évolution de la diversité génétique entre départements et de questionner les déterminants de cette évolution.

Mots-clés : variétés; département; richesse variétale; inverse de la diversité génétique de Nei; inverse de la diversité spatiale de Simpson; HT*

Mardi 29 septembre 2015

9h30 – 10h40 : Traits d'histoire de vie

Modelling respiro-fermentative dynamics of *Saccharomyces cerevisiae* batch culture to understand the evolution of life-history strategies**Dorian Collot**

Dorian Collot, UMR de Génétique Quantitative et Evolution, INRA - Université Paris-Sud - CNRS, France. Thibault Nidelet, Sciences pour l'œnologie, INRA/Supagro/Université Montpellier 1. Christine Dillmann, UMR de Génétique Quantitative et Evolution, INRA - Université Paris-Sud - CNRS, France. Delphine Sicard, Sciences pour l'œnologie, INRA/Supagro/Université Montpellier 1. Judith Legrand, UMR de Génétique Quantitative et Evolution, INRA - Université Paris-Sud - CNRS, France.

dorian.collot@moulon.inra.fr

Adaptation of organisms to their environment relies on many phenotypic traits called life-history traits. Due to physical and biological constraints, selection cannot maximize all those traits together. Hence analyzing the evolution of several traits jointly will enhance our understanding of adaptation dynamics. We are interested in the adaptation of the yeast *Saccharomyces cerevisiae* via several traits related to fermentation and respiration such as resource consumption rate, biomass yield or mortality. Two extreme life-history strategies have been identified from experimental data: on the one hand, big cells have a high consumption rate and a low reproductive rate, on the other hand smaller cells have a high biomass yield and a higher reproductive rate. In addition, an experimental evolution of six strains in four different environments has demonstrated that high-content sugar environment select for big cells life-history strategy while lower sugar environment select for small cells strategy (Spor, Evolution, 2014). In order to understand the evolutionary dynamics of those strains during the experimental evolution, an ODE model was built. This model includes both fermentation and respiration phases and accounts for cell's mortality and the negative effect of ethanol on cells growth rate. Once calibrated, the model can be used to simulate competition between strains with different life-history strategies. We showed that an increasing the growth rate or the mortality rate allowed a "mutant" strain to invade a "resident" population. However, those traits do not affect the same phase of the population dynamics which can lead to different strategies: strain with high fermentation growth rate if the respiration phase is short, or strain with also low mortality rate if the respiration phase is long. In the future, we will explore how trade-offs between traits shapes the evolutionary dynamics of yeast in a changing environment.

Mots-clés : yeast, batch culture, modelling, invasion, life-history strategy

Beyond host-pathogen co-evolution: the search for drivers of the evolution of a ubiquitous bacterium that impacts crop health and rain formation in clouds**Cindy E. Morris and Christelle Lacroix**

Cindy E. MORRIS and Christelle LACROIX INRA, UR0407 Pathologie Végétale, F-84143 Montfavet cedex, France
cindy.morris@avignon.inra.fr, christelle.lacroix@paca.inra.fr

The bacterium *Pseudomonas syringae* has been historically recognized as an important plant pathogen [1-3]. However, the description of its ecology is moving away from that of a ubiquitous epiphytic plant pathogen to one of a multifaceted bacterium sans frontières that can survive in various ecosystems linked to the water cycle [4-5]. Discovery of the aquatic facet of its ecology has led to a vision of its life history that integrates temporal scales spanning billions of years; and spatial scales traversing catchment basins, continents and the whole planet. Phenotypic and molecular characterization of about 800 strains from a wide range of substrates revealed a diversity of traits and abilities, including subverting the attacks and defense responses of the

cohabitants of the various environments they occupy and setting off major environmental processes (e.g. rain and snowfall) that influence climate. This new ecological perspective has also yielded insights into epidemiological phenomena linked to disease emergence and into potential conflicts between its beneficial role in climate processes and its negative impact on the health of crops. Overall, it sets the stage for the integration of more comprehensive contexts of ecology and evolutionary history to elucidate the selective pressures that have shaped the biology of *P. syringae* into a highly diversified metapopulation of strains. We will present our current approach at elucidating the ecology and evolutionary history of this bacterial species and we will solicit discussions to further assess the drivers of its evolution.

Lamichhane J.R., et al. 2015. J. Gen. Plant Pathol. (in press). Lamichhane J.R., et al. 2014. Advances in Agronomy 126:235-295. Mansfield J., et al. 2012. Mol. Plant Pathol. 13 :614–629. Morris C.E., et al. 2014. Global Change Biol. 20:341-351. Morris C.E., et al. 2013. Annu. Rev. Phytopathol. 51:85-104.

Mots-clés : plant pathogen, ice nucleation, aerobiology, biogeography

A thermodynamic theory of microbial growth and its perspectives for ecosystem modelling

Théodore BOUCHEZ

Théodore BOUCHEZ, Elie DESMOND- LE QUEMENER, Hadrien DELATTRE Irstea, UR HBAN, Centre d'Antony, BIOMIC research group, 1 rue Pierre-Gilles de Gennes, 92761 Antony Cedex, France.

theodore.bouchez@irstea.fr

The study of microbes, the simplest form of life, constitutes a fertile thinking ground for a deeper interlinking between physical and biological concepts. In 1922, Alfred Lotka suggested that the similarity between individuals was an invitation to imagine a statistical mechanics of living beings¹. As an extension of these ideas, we proposed a thermodynamic theory of microbial growth by showing how systems constituted by microbes in contact with molecules could be likened to ensembles described by the laws of statistical physics. Based on thermodynamic balances established by different authors², we defined the activation energy of a microbe and thus the probability for an elementary division act to be triggered. A growth equation could be proposed³, which links a flux (the growth of microbes) to a force (the free energy density in the environment). The equation allows adequate modeling of experimental growth data. More importantly, it also allows making new predictions in relation to the microbial isotopic fractionation phenomenon which can be viewed as a kinetic consequence of the differences in energy contents of isotopic isomers used for growth. We showed how recent experimental data actually support these original predictions. Currently, we are using our thermodynamic growth equation for modelling microbial dynamics in engineered ecosystems. First simulations illustrate how empirical engineering rules known for decades for the design of activated sludge plants might actually be regarded as emerging properties of our thermodynamic growth model.

References 1. A. J. Lotka, PNAS 8 (6), 151-154 (1922). 2. R. Kleerebezem and M. C. M. Van Loosdrecht, Crit. Rev. Environ. Sci. Technol. 40 (1), 1-54 (2010). 3. E. Desmond-Le Quemener and T. Bouchez, Isme Journal 8 (8), 1747-1751 (2014).

Mots-clés : microbial growth, microbial thermodynamics, exergy

11h10 – 12h45 : Reproduction et spéciation**Tracking adaptation to environmental changes: selfing and detection of loci under selection****Miguel Navascués**

Arnaud BECHELER, Renaud VITALIS, Miguel NAVASCUÉSINRA, UMR CBGP, UMR CBGP Centre de Biologie pour la Gestion des Populations, 755 avenue du campus AgropolisCS30016, 34988 Montferrier-sur-Lez cedex (France)

Miguel.Navascues@supagro.inra.fr

In a single isolated populations, allele frequencies will change through time subject to the processes of selection (acting on specific loci) and genetic drift (acting on the whole genome). Genetic data collected at different times can be used to make inferences on the effective population size (i.e. strength of drift) and to detect outlier loci, whose changes in allele frequencies are unlikely to be only the product of the inferred demography. However, the presence of self-fertilization may pose a problem for the detection of loci under selection. Selfing reduces the effective size of populations and the effective recombination among loci (promoting hitch-hiking). We investigated the effect of the presence of partial selfing reproduction in the power and false discovery rate for the detection of selected loci. In addition, we characterized the footprint of selection along the chromosome containing the selected site.

Mots-clés : selfing, detection of selection, population monitoring

Conflit parental et évolution de la barrière reproductive entre espèces de Capselle**Clément Lafon-Placette**

C. LAFON-PLACETTE, Department of Plant Biology, Swedish University of Agricultural Sciences and Linnean Center of Plant Biology, Uppsala, Sweden. C. A. REBERNIG, Department of Plant Biology, Swedish University of Agricultural Sciences and Linnean Center of Plant Biology, Uppsala, Sweden. M. R. HATORANGAN, Department of Plant Biology, Swedish University of Agricultural Sciences and Linnean Center of Plant Biology, Uppsala, Sweden. P. ELLANDER, Department of Plant Biology, Swedish University of Agricultural Sciences and Linnean Center of Plant Biology, Uppsala, Sweden. A. CORNILLE, Department of Ecology and Genetics, Evolutionary Biology Centre, Uppsala University, Uppsala, Sweden. M. LASCOUX, Department of Ecology and Genetics, Evolutionary Biology Centre, Uppsala University, Uppsala, Sweden. T. SLOTTE, Department of Ecology, Environment and Plant Sciences, Stockholm University, Stockholm, Sweden. C. KOHLER, Department of Plant Biology, Swedish University of Agricultural Sciences and Linnean Center of Plant Biology, Uppsala, Sweden.

clement.lafon.placette@slu.se

Le type de reproduction (allogamie versus autogamie) chez les plantes est associé à différents niveaux de compétition sexuelle et de conflit parental. Des niveaux différents de conflit parental se traduisent par des différences de « force » des génomes parentaux, influençant le niveau de ressources transférées à la graine. Ce déséquilibre de forces entre allogames et autogames peut altérer la survie des graines hybrides, causant une incompatibilité entre espèces apparentées. Ceci a été formulé dans l'hypothèse du weak inbreeder/strong outcrosser (WISO), qui prédit qu'un parent allogame se comporte comme un parent « fort » comparé à un parent autogame. On peut par ailleurs étendre cette hypothèse entre un récent (parent « fort ») et un ancien (parent « faible ») autogame, le génome de ce dernier évoluant sous un conflit parental faible depuis plus longtemps. Pour étudier ces questions, le genre *Capsella* est un modèle pertinent, composé de quatre espèces : le diploïde allogame *C. grandiflora* ; *C. rubella* (diploïde) et *C. bursa-pastoris* (tétraploïde) autogames depuis des temps similaires (environ 100 ka et 150 ka respectivement) ; et le diploïde autogame *C. orientalis* ayant divergé il y a 1,6 Ma. Nous nous intéressons à la survie des graines hybrides entre ces espèces, la cause développementale de la létalité et les dérégulations de gènes associées, ainsi que les loci impliqués dans cette incompatibilité. Nos résultats corroborent nos prédictions et suggèrent un mécanisme identique d'incompatibilité entre toutes ces espèces.

Mots-clés : Spéciation, barrière reproductive, conflit parental, létalité des graines hybrides

Gene genealogies in a dynamic landscape

Amaury Lambert

Amaury LAMBERT, UPMC & Collège de France - Chunhua MA, Nankin University (R.P. Chine)
amaury.lambert@upmc.fr

Dans la perspective de comprendre comment les généalogies de gènes se comportent durant le processus de spéciation, nous considérons un modèle de type Moran spatialisé, où la métapopulation est elle-même dynamique. Cette métapopulation est constituée d'une grande population mère (ou continent), qui envoie constamment des migrants qui fondent de nouvelles petites colonies. Ces colonies finissent par s'éteindre ou par rentrer en contact secondaire avec la population mère.

Nous étudions le coalescent associé à ce modèle, appelé coalescent péripatrique, dans une certaine limite d'échelle où les lignées peuvent être considérées comme externes (dans des colonies, toujours différentes, ce qui leur interdit de coalescer), ou internes (à l'intérieur de la population mère, où elles coalescent de façon standard). Ce coalescent a été utilisé de manière indépendante pour modéliser les banques de graines.

Mots-clés : coalescent - métapopulation dynamique - spéciation - banque de graines

Pourquoi si peu de plantes dioïques ? L'hypothèse d'un cul de sac évolutif invalidée

Jos Käfer

Jos KÄFERUMR CNRS 5558 - LBBE Biométrie et Biologie évolutive UCB Lyon 1 - Bât. Grégor Mendel 43 bd du 11 novembre 1918 69622 VILLEURBANNE cedex
Sylvain MOUSSETUMR CNRS 5558 - LBBE Biométrie et Biologie évolutive UCB Lyon 1 - Bât. Grégor Mendel 43 bd du 11 novembre 1918 69622 VILLEURBANNE cedex
Adresse actuelle : Faculty of Mathematics, University of Vienna, Oskar-Morgenstern-Platz 1, Room 9.136 A-1090 Vienna
Gabriel MARAISUMR CNRS 5558 - LBBE Biométrie et Biologie évolutive UCB Lyon 1 - Bât. Grégor Mendel 43 bd du 11 novembre 1918 69622 VILLEURBANNE cedex
jos.kafer@univ-lyon1.fr

Il n'y a que peu d'espèces (6%) de plantes à fleurs (angiospermes) qui possèdent des individus à sexes séparés (dioécie) ; l'hermaphroditisme est l'état le plus fréquent chez les plantes, une situation très différente de celle des animaux. La dioécie est néanmoins présente dans beaucoup de clades différents, ce qui laisse supposer que son apparition a été assez fréquente (>800 transitions indépendantes). Des études phylogénétiques, par comparaison de clades frères, ont montré que les clades de plantes dioïques possèdent moins d'espèces que leurs clades non-dioïques les plus proches, ce qui a été interprété comme un effet négatif de la dioécie sur la diversification. Nous avons découvert que cette interprétation repose néanmoins sur une erreur : si deux clades frères ont (par définition) le même âge, la sélection de clades frères basée sur l'absence ou la présence d'état dérivé (comme la dioécie) introduit un biais dans le jeu de données. Paradoxalement, sous l'hypothèse d'un taux égal de diversification, on devrait s'attendre à ce que les clades dioïques soient en moyenne plus petits que leurs frères. Avec un nouveau test statistique que nous proposons, basé sur le nombre d'espèces dans les clades frères, nous avons analysé un nouveau jeu de données rassemblant plus de la moitié des espèces dioïques dans les angiospermes. L'analyse montre que la dioécie, contrairement à ce qu'on a cru jusque-là, est plutôt liée à une augmentation (modérée) de la diversification. Ce résultat nous conduit à reconsidérer un certain nombre d'idées reçues sur la dioécie. Au-delà de la dioécie chez les plantes, l'analyse des clades frères par comptage du nombre d'espèces, si elle est correctement menée, se révèle être un alternatif robuste aux méthodes récentes qui nécessitent des phylogénies bien résolues.

Mots-clés : diversification, phylogénies, angiospermes, dioécie

14h15 – 16h15 : Adaptation**Improved Approximate Bayesian Computation methods for population genomics: estimation of selection parameters in humans****Guillaume LAVAL**

Guillaume LAVAL. Lluís QUINTANA-MURCI. Institut Pasteur, Human Evolutionary Genetics, CNRS URA3012, Department of Genomes and Genetics, Paris.

glaval@pasteur.fr

In population genetics inferences, we aim to evaluate various evolutionary/demographic models (e.g. population growth, recent adaptive selection events) and estimate the underlying parameters (e.g. expansion rates, age and intensity of selection events). Consequently, we need to analytically or numerically compute some likelihood functions, i.e. the probability to observe genetics data (SNP genotyped or DNA regions re-sequenced in many individuals/populations) given such evolutionary/demographical models. Unfortunately, in many situations, the analytical formulas are unknown, can only be approximated (composite likelihood) or numerically evaluated. This can be computationally costly for complex models. However, the Approximate Bayesian Computation (ABC) approaches bypass such computational difficulties by simulating genetic data according to evolutionary/demographical models. These methods provide high degree of freedom in the choice of models to be tested, but usually involve simulating large amounts of genetic data and, therefore, are highly computational intensive. Here, I present new ABC algorithms aiming to estimate key adaptive parameters in calibrated demographic scenarios and using the 1000 Genomes low coverage data (Phase 1, several populations worldwide distributed). First, I will present new ABC estimations of the genome-wide extent of recent positive selection in humans, i. e., estimations of the number of selected genes and of the genome-wide distributions of the age and intensity of selection. Next, I will show new ABC methods which improve the accuracy of classical ABC estimations of the age and intensity of selection and beyond. These improved ABC methods have been applied to various emblematic cases of positive selection in humans, e.g. mutation rs4988235 responsible for lactase persistence in adulthood (LCT gene in Europeans), and provided consistent estimates. They have also been applied to innate immunity genes detected to be under positive selection in humans, challenging the classical view of recent adaptations due to drastic changes of pathogenic pressures accompanying the Neolithic expansions (~10kya).

Mots-clés : age intensity positive selection ABC**Adaptation locale à l'altitude dans des populations de téosintes séquencées en mélange****Margaux-Alison Fustier**

Margaux-Alison Fustier, CNRS, UMR 0320/8120, Gif-sur-Yvette, France - Jean-Tristan Brandenburg, INRA, UMR 0320/8120, Gif-sur-Yvette, France - Yves Vigouroux, IRD, UMR 232, Montpellier, France - Simon Boitard, MNHN, France ISYEB (EPHE & MNHN & CNRS & UPMC) UMR 7205, Paris / GABI (INRA & AgroParisTech), UMR 1313, Jouy en Josas, France - Domenica Manicacci, Univ Paris Sud, UMR 0320/8120, Gif-sur-Yvette, France - Maud Tenaillon, CNRS, UMR 0320/8120, Gif-sur-Yvette, France

margaux-alison.fustier@moulon.inra.fr

Les téosintes *Zea mays ssp parviglumis* (*parviglumis*) et *Zea mays ssp mexicana* (*mexicana*) sont les plus proches parents sauvages du maïs cultivé *Zea mays ssp mays*. Les deux sous-espèces sont endémiques du Mexique et occupent des aires de répartition distinctes, séparées par une limite altitudinale (1800 m). *parviglumis* pousse dans des conditions chaudes et humides, tandis que *mexicana* pousse dans des climats plus froids et secs. Nous nous intéressons aux bases génétiques de l'adaptation à l'altitude. Nous disposons pour cela de 31 populations réparties le long de deux gradients altitudinaux. Pour chaque gradient, nous avons séquencé en mélange 20 individus de deux populations "extrêmes", une de basse et une de haute altitude. Nous avons étiqueté les individus pour avoir accès à l'information individuelle. Afin de prendre en

compte la divergence entre sous-espèces, nous avons également séquencé deux populations “intermédiaires”, une *parviglumis* de haute altitude et une *mexicana* de basse altitude. Grâce à l’information individuelle des populations “extrêmes”, nous avons pu évaluer l’impact du séquençage en mélange sur l’estimation des fréquences alléliques. Nous avons ensuite appliqué différents types de méthodes de détection de la sélection afin d’identifier des régions candidates à l’adaptation. Ces méthodes incluent des tests basés sur la différenciation, sur le niveau de diversité, sur des corrélations avec des variables environnementales et sur les haplotypes. Nous avons établi une liste de polymorphismes candidats qui serviront à des études de clines et de génétique d’association.

Mots-clés : Scans génomiques, gradients, phénotypes

Approches factorielles pour l'analyse de l'adaptation génétique à l'environnement

Denis Laloë

Denis Laloë, Tatiana Zerjal GABI – UMR 1313, INRA – AgroParisTech, 78352 Jouy-en-Josas, France
denis.laloe@jouy.inra.fr

Les analyses factorielles, et parmi elles l’analyse en composantes principales (ACP), sont très utilisées dans les études de structuration génétique. Elles ne reposent sur aucune hypothèse explicite de différenciation, les calculs qu’elles requièrent sont rapides et peu gourmands informatiquement, et les cartes factorielles qui en sont issues permettent d’appréhender visuellement les différents types de structuration, hiérarchies ou gradients.

Ces analyses sont réputées exploratoires ou descriptives. Elles offrent néanmoins des outils performants de modélisation dans des contextes massivement multivariés. Ainsi, l’ACP sur variables instrumentales (ou analyse de redondance) permet de modéliser un tableau de données X en fonction d’un nombre réduit d’autres variables (Y), en partitionnant le tableau d’origine : $X = E(X|Y) + E$

Dans le contexte de la génomique des populations, X est un tableau de génotypes ou d’haplotypes établis sur des individus, et les variables du tableau Y peuvent être des facteurs (regroupement d’individus en populations), ou des variables continues (coordonnées géographiques, variables environnementales,...). On peut utiliser les résultats fournis par l’analyse (rapports d’inertie, scores des marqueurs) pour estimer F_{st} globales et des valeurs typologiques pour chaque marqueur, et donc quantifier la contribution des marqueurs à la construction de typologies *a priori*.

Un test permet d’apprécier la pertinence du modèle. Par ce biais, la diversité génétique d’ensemble d’individus peut s’interpréter en fonction de leur population, de leur localisation, ou de tout autre variable environnementale ou climatique. On illustre la méthode par un exemple sur les bovins allaitants de France et leur adaptation génétique à des conditions d’élevage en montagne.

Mots-clés : analyses factorielles, génomique, variables environnementales

Positively Frequency-Dependent Interference Competition Maintains Diversity and Pervades a Natural Population of Cooperative Microbes

Olaya Rendueles

Olaya Rendueles^{1*}, Michaela Amherd¹, Gregory J Velicer¹ Institute for Integrative Biology, Department of Environmental Sciences, ETH Zürich, 16 Universitätstrasse, 8092 Zürich, Switzerland *corresponding author
olaya.rendueles@gmail.com

Positively frequency-dependent selection is predicted from theory to promote diversity in patchily structured populations and communities, but empirical support for this prediction has been lacking. We investigated frequency-dependent selection among isolates from a local natural population of the highly social bacterium *Myxococcus xanthus*. Upon starvation, closely related cells of *M. xanthus* cooperate to construct multicellular

fruiting bodies, yet recently diverged genotypes co-residing in a local soil population often antagonize one another during fruiting-body development in mixed groups. In the experiments reported here, both fitness per se and strong forms of interference competition exhibit pervasive and strong positive frequency dependence (PFD) among many isolates from a centimeter-scale soil population of *M. xanthus*. All strains that compete poorly at intermediate frequency are shown to be competitively dominant at high frequency in most genotype pairings during both growth and development, and strongly so. Interference competition is often lethal and appears to be contact dependent rather than mediated by diffusible compounds. Finally, we experimentally demonstrate that positively frequency-dependent selection maintains diversity when genotype frequencies vary patchily in structured populations. These results suggest that PFD contributes to the high levels of local diversity found among *M. xanthus* social groups in natural soil populations by reinforcing social barriers to cross-territory invasion and thereby also promotes high within-group relatedness. More broadly, our results suggest that potential roles of PFD in maintaining patchily distributed diversity should be investigated more extensively in other species.

Mots-clés : allelopathy; frequency dependence; genetic diversity; social evolution; territoriality

Phylogénies dans un modèle d'éco-évolution aléatoire

Chi Tran

Sylvain BILLIARD, Lille 1 - Régis FERRIERE, ENS Ulm - Jean-Michel MARIN, Univ. Montpellier - Sylvie MELEARD, Ec. Polytechnique - Matthieu PORTE, ENS Ulm et Ec. Polytechnique - Viet Chi TRAN, Lille 1
chi.tran@math.univ-lille1.fr

Nous considérons une population structurée suivant un trait adaptatif et un marqueur neutre que nous supposons complètement lié au trait (par souci de simplification). La dynamique est régie par les naissances et les morts d'individus en interaction. Cette interaction est décrite par une compétition de type logistique, dépendant des traits sous sélection. Le marqueur neutre n'intervient nulle part dans la dynamique. En grande population et avec mutations rares (pour le trait et le marqueur), nous montrons que le modèle individu-centré peut-être approché par le processus suivant. Si on se restreint à la distribution en trait, on retrouve un processus de Trait Substitution Sequence (Metz et al. 96, Champagnat 06) ou de Polymorphic Evolution Sequence (Champagnat Méléard 11), suivant que l'invasion d'un mutant avantageux implique sa fixation ou non. Pendant l'invasion d'un mutant avantageux, le marqueur associé bénéficie d'un phénomène de to-stop et on observe pour la distribution du marqueur un goulot d'étranglement. Puis la diversité neutre se reconstitue suivant un processus de Fleming-Viot ou de Wright-Fisher (dans le cas d'un marqueur bi-allélique). Nous en déduisons ensuite les phylogénies de telles populations. Il s'agit de coalescents avec goulots d'étranglement et interactions entre les différentes branches. Les perspectives sont ensuite décrites. La première partie est un travail avec S. Billiard, R. Ferrière et S. Méléard. La seconde partie est un travail en cours avec J.M. Marin, S. Méléard et M. Porte.

Mots-clés : processus de naissances et morts ; Trait Substitution Sequence et Polymorphic Evolution Sequence ; superprocessus de Fleming-Viot et diffusions de Wright-Fisher

16h45 – 18h45 : Interactions génétiques**Méthodes d'analyse d'expression différentielle : hypothèses, modèles, contrôle de la variabilité****Maud I. Tenaillon**Khawla Sedikki¹, Arnaud Le Rouzic², Catherine Montchamp-Moreau², Maud I. Tenaillon³, Christine Dillmann⁴¹ IDEEV, EGCE/GQE – Le Moulon/ESE, ² CNRS, Evolution Génomes Comportement Ecologie, 91190 Gif-sur-Yvette, France,³ CNRS, UMR 8120, Génétique Quantitative et Evolution - Le Moulon, 91190 Gif-sur-Yvette, France ⁴ Univ. Paris-Sud, Génétique Quantitative et Evolution - Le Moulon, 91190 Gif-sur-Yvette, France

maud.tenaillon@moulon.inra.fr

De nombreuses méthodes existent pour détecter l'expression différentielle de gènes dans des jeux de données de séquençage haut-débit de transcriptomes (RNA-Seq). Les packages DESeq, EdgeR et Limma sont particulièrement populaires. Ces méthodes ont été appliquées et comparées dans des jeux de données présentant un contrôle optimal de la variabilité - avec plusieurs répétitions biologiques et techniques. Or, la diminution des coûts de séquençage démocratise l'utilisation du RNA-Seq qui s'étend maintenant à des échantillonnages de terrain utiles à la communauté d'écologistes/évolutionnistes, mais pour lesquels la variabilité est souvent moins bien contrôlée. Nous présentons ici les particularités de chacune de ces méthodes, leurs étapes (normalisation, filtrage, estimation de la dispersion et test d'analyse différentielle) ainsi que les hypothèses sous-jacentes. Nous les avons appliqués à 4 jeux de données dans 2 organismes modèles - la drosophile et le maïs. Deux des jeux présentent un contrôle optimal de la variabilité avec des réplicats tandis que deux autres ne présentent pas ce contrôle soit parce que des échantillons ont été combinés, soit parce que les réplicats biologiques sont simplement difficiles à obtenir. Nous montrons que : (1) la normalisation DESeq est plus efficace pour contrôler la variabilité technique en préservant le signal biologique ; (2) l'étape de filtrage est importante pour assurer une distribution relativement uniforme des P-values ; (3) l'estimation de la dispersion est bien meilleure pour DESeq et EdgeR, ces 2 méthodes présentent toutefois des différences importantes notamment pour les gènes faiblement exprimés ; (4) DESeq détecte un plus grand nombre de gènes différentiellement exprimés quelque soit le jeu de données. Globalement les recouvrements entre gènes identifiés par les différentes méthodes sont limités. Ces résultats appellent des vérifications et une certaine prudence dans l'interprétation des résultats.

Mots-clés : RNA-Seq, normalisation, dispersion, méthodologie statistique**Étude des causes évolutives de la canalisation génétique****Estelle Rünneburger**

Estelle RÜNNEBURGER, Arnaud LE ROUZIC, Laboratoire EGCE, UMR 9191, CNRS Gif-sur-Yvette

estelle.runneburger @egce.cnrs-gif.fr

Si l'effet de la canalisation génétique (ou la capacité du phénotype à demeurer inchangé face à des mutations) sur l'évolution commence à être bien connue, il n'en est pas de même pour la question de son origine. Plusieurs hypothèses existent pour expliquer l'évolution de la canalisation génétique : elle pourrait être adaptative en elle-même (les descendants des génotypes canalisés subissent moins l'effet d'éventuelles mutations, ce qui est un avantage sélectif dans les environnements stables), mais elle pourrait aussi dériver de la sélection directe pour la stabilité du phénotype au cours du développement des individus. Pour explorer ces différentes hypothèses, nous avons mis au point une approche théorique via des simulations informatiques (évolution *in silico* de réseaux de régulation) que nous analysons par des indicateurs traditionnels en génétique quantitative. Notre objectif est de déterminer la manière dont la robustesse des réseaux change au

cours du temps lorsque la population est soumise à différents types de pression de sélection. Nous avons montré que l'impact relatif de ces différentes pressions de sélection dépendait de nombreux paramètres, certains étant attendus (force de la sélection stabilisante, par exemple), d'autres moins. En particulier, nous avons mis en évidence un effet majeur de l'effet moyen des mutations sur l'évolution de la canalisation: paradoxalement, plus les mutations individuelles ont tendance à modifier l'expression des gènes, et plus l'ensemble du réseau tend à évoluer vers une canalisation poussée.

Mots-clés : canalisation, simulations, génétique quantitative, réseaux de régulations, architecture génétique

Etude des paysages adaptatifs des bêta-lactamases TEM-1 et CTX-M-15

Hervé Jacquier

Hervé Jacquier, André Birgy, Karine Panigoni, Coralie Pintard, Adrien Launay, Olivier Tenaillon INSERM, IAME, UMR 1137, F-75018 Paris, France; Univ Paris Diderot, Sorbonne Paris Cité, F-75018 Paris, France
hervejacquier@hotmail.com

Les bêta-lactamases sont des enzymes ayant la capacité d'hydrolyser les bêta-lactamines, les antibiotiques les plus largement prescrits en médecine. L'utilisation massive des bêta-lactamines a conduit à la sélection de bêta-lactamases au spectre de plus en plus large, conduisant à l'émergence de bactéries multi-résistantes. Ainsi, il semble nécessaire de placer l'étude de ces enzymes dans une perspective évolutive. Nous nous sommes intéressés aux bêta-lactamases TEM-1 et CTX-M-15, qui ont eu un succès épidémique au sein du monde bactérien et qui possèdent des structures quasi-similaires, malgré 37% d'identité au niveau de leur séquence protéique. Nous avons réalisé des banques de 10.000 mutants de TEM-1 et 2.300 de CTX-M-15 par mutagenèse aléatoire, séquencé chaque mutant indépendamment par méthode Sanger et déterminé l'effet des mutations par mesure de la concentration minimale inhibitrice (CMI) de l'amoxicilline, un substrat commun aux deux enzymes. L'étude des mêmes mutations dans les deux fonds génétiques nous a permis de mieux comprendre les propriétés évolutives communes et propres de chaque enzyme et de mieux appréhender les interactions épistatiques. Ces résultats nous ont également permis d'identifier des mutations inactivatrices mutuellement exclusives dans les 2 fonds génétiques et rattrapées par des mutations compensatrices, mettant en évidence la potentielle fixation de mutations délétères non détectées par des méthodes basées sur des alignements de séquences. En parallèle de cette approche, où nous avons travaillé sur un panel « limité » de mutants indépendants, nous avons utilisé une méthode pFunkel de mutagenèse quasi-exhaustive. Nous avons ensuite étudié la fréquence de mutants « en bulk » par séquençage à haut-débit après sélection par différentes concentrations d'amoxicilline, et après plusieurs cycles d'évolution à une concentration donnée d'amoxicilline. Ce deuxième volet de nos travaux est encore en cours et devrait nous permettre d'obtenir des données plus exhaustives et plus fines des paysages adaptatifs de nos deux enzymes.

Mots-clés : evolution, beta-lactamases, épistasie

Large scale divergence of genetic or metabolic networks can arise through gradual changes that do not affect systemic properties

Olivier Martin

A. Barve, Univ Zurich - S-R. Hosseini, Univ Zurich - O.C. Martin, GQE - Le Moulon, Gif-sur-Yvette - A. Wagner, Univ Zurich
olivier.martin@moulon.inra.fr

We consider in silico models of (i) gene regulatory networks and (ii) of metabolic networks where the phenotype is a given systemic property, namely (i) the steady-state gene expression patterns produced or (ii) the metabolic capability of producing a fixed set of compounds. We explore the neutral space containing all networks compatible with these phenotypic constraints. For both of these kinds of intra-cellular networks, we find that evolution via small changes which preserve the phenotype can produce highly divergent networks and that in practice the whole neutral space can be explored in this way.

Mots-clés : gene networks, metabolic networks, neutral evolution

Testing for independence between evolutionary processes

Abdelkader Behdenna

Abdelkader BEHDENNA^(1,2,3) Joël POTHIER^(5,2) Sophie S ABBY^(6,7) Amaury LAMBERT^(4,3) Guillaume ACHAZ^(1,2,3)¹UMR 7138 - Institut de Biologie Paris-Seine, UPMC, Paris ²Atelier de BioInformatique, UPMC, Paris ³SMILE - Centre Interdisciplinaire de Recherche en Biologie, Collège de France, Paris ⁴Laboratoire de Probabilités et Modèles Aléatoires, UPMC, Paris ⁵Enzymologie de l'ARN, UPMC, Paris ⁶Institut Pasteur, Microbial Evolutionary Genomics, Paris ⁷CNRS, UMR 3525, Paris
kaderbehdena@gmail.com

Evolutionary events co-occurring along phylogenetic trees usually point to complex adaptive phenomena, sometimes implicating epistasis. While a number of methods have been developed to account for co-occurrences of events on the same internal or external branch of an evolutionary tree, there is a need to account for the larger diversity of possible relative positions of events in a tree. Here we propose a method to quantify to what extent two or more evolutionary events are associated on a phylogenetic tree. The method is applicable to any discrete character, like substitutions within a coding sequence or gains/losses of a biological function. Our method uses a general approach to statistically test for significant associations between events along the tree, which encompasses both co-occurrences in the same branch, and chronologies in different branches. We address this problem from the statistical viewpoint by a linear algebra representation of the distribution of the evolutionary events on the tree. We compute the full probability distribution of the number of paired events occurring in the same branch or in different branches of the tree, under a null model of independence. We then complete this general study with a likelihood framework allowing us to measure the interactions between two selected events. The strengths and weaknesses of the method are assessed via simulations. We then apply the method to explore two biological cases: the loss of cell motility in intracellular pathogens and the coevolution of nucleotides of the bacterial 16S RNA.

Mots-clés : Coevolution - Statistical test - Likelihood

Mercredi 30 septembre 2015

9h30 – 10h40 : Diversité génétique

De la génomique du genre *Gallus* à l'histoire de la domestication du poulet

Mariangela Arca

Mariangela Arca¹, Mahendra Mariadassou¹, Mekki Boussaha², Thomas Faraut³, Diane Esquerré⁴, Alain Vignal³, Frédéric Hospital², Pierre Nicolas¹, Gwendal Restoux², Xavier Rognon², Jean-Luc Coville², Michèle Tixier-Boichard²⁻¹ INRA, UR1077 Unité Mathématiques et Informatique Appliquées du Génome à l'environnement, 78350 Jouy-en-Josas, France - ²INRA, AgroParisTech, UMR1313, Génétique Animale et Biologie Intégrative, Jouy-en-Josas, France - ³INRA, INPT, UMR1388, Génétique, Physiologie et Systèmes d'Élevage, Castanet-Tolosan F-31326, France - ⁴INRA, Plateforme de Génomique Get-PlaGe, Castanet-Tolosan F-31326, France
 mariangela.arca@jouy.inra.fr

La diversité génétique actuelle de la poule domestique (*Gallus gallus domesticus*) serait le résultat d'une domestication commencée il y a 8 000 ans en Asie. Le coq bankiva (*Gallus gallus*) constitue la principale espèce à l'origine des races de poules domestiques mais des études récentes ont suggéré l'existence de plusieurs événements de domestication ainsi qu'une contribution génétique de plusieurs espèces sauvages du genre *Gallus*. Les scénarios de domestication du poulet sont encore l'objet de controverses et l'objectif de notre projet est d'appréhender la domestication à l'échelle du génome entier, en complément des études menées sur l'ADN mitochondrial et des marqueurs nucléaires.

Dans le projet ANR Domestichick, 36 individus ont été séquencés (25-30X) afin d'identifier les introgressions et de reconstruire l'histoire évolutive du genre. Les génomes de 18 poules domestiques d'origine géographique diversifiée sont ainsi comparés à ceux de 18 animaux de quatre espèces sauvages : *Gallus gallus* (coq bankiva), *Gallus sonneratii* (coq de Sonnerat ou coq gris), *Gallus varius* (coq de Java ou coq vert) et *Gallus lafayetii* (coq de Lafayette ou coq de Ceylan). Une espèce sœur du genre *Gallus*, *Bambusicola thoracicus* (la perdrix des bambous chinoise) a également été choisie pour identifier les allèles ancestraux.

Nous présenterons les premiers résultats sur les événements d'introgression entre espèces sauvages et populations domestiques et l'histoire du genre *Gallus*. Ces résultats s'appuient sur l'étude des fréquences alléliques, du déséquilibre de liaison et de la différenciation entre populations.

Mots-clés : *Gallus*, domestication, évolution, génomique.

Population genomics in the smallest photosynthetic eukaryotes

Gwenael Piganeau

GENOPHY, UMR7232, Laboratoire Arago, Banyuls sur mer
 gwenael.piganeau@obs-banyuls.fr

Genomics have greatly enhanced our knowledge on diversity of phytoplankton communities by revealing new species where morphological differences are lacking. Here, we will present the analysis of population genomics data in two species of the *Ostreococcus* species complex, *O. tauri* and *O. mediterraneus*, bacteria-sized photosynthetic eukaryotes that are abundant in the Mediterranean sunlit sea surface. Analysis of the polymorphism spectrum along the 13Mb nuclear genome enable the estimation of meiotic recombination along chromosomes and the inference of the prevalence of sexual reproduction in the wild in these haploid organisms. We provide evidence of a high heterogeneity of polymorphism along chromosomes; genomic islands of divergence boarding diversity cold spots. Regions with high levels of polymorphism suggest that the mutation process is not Poisson distributed. Experimental phenotypic assays are underway to link the observed genetic diversity with biological traits like viral resistance and growth rates to discuss their role in adaptation and diversification in phytoplanktonic communities.

Mots-clés : génomique évolutive du phytoplancton

10h40 – 12h15 : Démarche scientifique**Natural observations and theory in ecology: insights from the tropics****Olivier Dangles**

Olivier Dangles, IRD, UMR EGCE, Gif-sur-Yvette
 olivier.dangles@ird.fr

The rapidly vanishing role of natural history observations in modern ecological research has been a constant subject of concern among scientists. In a recent paper, Robert Ricklefs, the President of the American Society of Naturalists, stated: “Whereas the origins of ecology were firmly grounded in direct observation of nature, the emergence of strong theory in ecology appears to have changed our perspective on natural history, to the point that observation is often used to serve theory rather than test predictions and find inspiration for new ideas” (Ricklefs Am. Nat. 2012). Ricklefs himself revived ideas presented almost 15 years earlier by the American biologist Douglas Futuyma who argued that scientists should put more energy into and emphasis on teaching students about the importance of learning about and being inspired by natural history (Futuyma, Am. Nat. 1998). In this presentation, I use examples from my own work in tropical ecosystems (including plant and animal communities from lowland tropical forests to high altitude Andean aquatic systems) to argue that scientists should primarily investigate natural phenomena that they find intriguing. There is no reason to dismiss questions just because they do not fit into or lead to new ecological theories. Paying attention solely to mainstream theoretical frameworks is often dull and can result in so-called “Type III errors” – finding the right answers to the wrong questions (Dangles & Casas 2012, Front. Ecol. Environ.). The unprecedented rates of global changes and biodiversity losses should impel all those involved in ecological research and teaching (from lecturers to journal editors to undergraduate students) toward placing greater value on field-based natural history observations. While ecologists make ever-greater advances in modeling, in-the-field observation of species continues to be neglected.

Mots-clés : natural history observations, entomology, biodiversity dynamics, species functional role

Quel(s) modèle(s) pour la diversité (génétique) ?**Guillaume Achaz**

G. Achaz, Évolution Paris-Seine et Atelier de BioInformatique, UPMC, A Lambert, E Schertzer
 guillaume.achaz@upmc.fr

Since the advent of the neutral theory of molecular evolution, the amazing genetic diversity one can observe within groups of mating individuals (ie. a species) is typically interpreted in the light of a single reference model. The so-called standard neutral model was proposed at a time where genetic data were hardly accessible. Although there are several arguments in favor of this model, it may well be the case that the use of a single reference model obscures our ability to apprehend the world as it is. Indeed as any model is doomed to be false, it would be more adequate to consider not one, but several models that are grounded on the structure of genetic diversity we observed today. I will illustrate this claim by few chosen biological examples.

Mots-clefs : Diversité, Génétique, Modèle, Données

Socioécosystème recuit-simulé**Stéphane Dupas**

EGCE, Gif sur Yvette

stephane.dupas@legs.cnrs-gif.fr

Le monde actuel est en changement rapide et l'incertitude sur l'avenir du socioécosystème terrestre est grandissante. Les méthodes les plus puissantes pour réduire notre incertitude sur de tels systèmes complexes font appel à des mécanismes qui rappellent le fonctionnement du cerveau. L'apprentissage humain répond aux règles de la formule de Bayes-Laplace. Nous modifions nos a priori en fonction de nos expériences. Or les méthodes d'échantillonnage du posterior bayésien et plus généralement d'optimisation sont plus efficaces lorsqu'elles alternent des phases d'agitation paramétrique à haute température et des phases plus froides où l'entropie est minimisée localement. Ces méthodes désignées sous le nom de « recuit simulé » sont inspirées des méthodes de « recuit » utilisées en métallurgie qui consistent à alterner les phases de refroidissement progressif ou des cristaux se constituent, avec des périodes de chauffe où ils se désorganisent partiellement. On espère ainsi atteindre un état final fortement cristallin correspondant à un minimum d'entropie et un maximum de stabilité. Si nous considérons le socioécosystème terrestre dans son apprentissage et sa structuration, la phase actuelle de réchauffement de température devrait correspondre à un recuit de grande ampleur. Que la terre soit appelée à se refroidir ou non, et dans le but de mieux explorer l'espace des paramètres pour réfléchir à un monde optimal en terme d'organisation (ou minimal en terme d'entropie). L'enjeu est probablement de savoir utiliser au mieux la croissance du nombre de cerveaux humains comme source d'information dans le cadre bayésien d'un cerveau global. Pour reprendre l'image des métallurgistes qui minimisent l'énergie, en minimisant l'entropie, nous augmenterons alors nos chances d'atteindre d'un état structuré qui assurera une plus grande durabilité à notre planète. L'objectif de cette présentation est de réfléchir ensemble à des méthodes participatives permettant de mieux constituer ce cerveau global.

Mots-clés : Bayes, changements globaux, ingénierie écologique, cerveau global

Inclusive fitness maximization and rational choice theory**Johannes Martens**

Johannes MARTENS University of Bristol, Department of Philosophy 16 Irving House, Park Row, BS1 5LU, Bristol UK.

Johannes.Martens@bristol.ac.uk

In evolutionary biology, it is common to envisage biological individuals (from bacteria to animals) on the model of rational agents "striving" to maximize their fitness. Usually, this analogy provides the biologist with an intuitive shorthand for predicting the outcome of natural selection, at least when the phenotypes are perfectly heritable. However, things get complicated when this analogy is applied to social behaviors; for in that case, there is no longer a guarantee that the strategy that would be chosen by a rational agent will also be favored by natural selection. In particular, biologists often assume that evolution by natural selection leads to inclusive fitness maximizing behavior. But this assumption, presumably, is only true when the payoffs corresponding to the social behaviors are additive. Therefore, it seems that the use of this analogy would be better restricted to the cases where payoff additivity is approximated. In this presentation, I will explore further the theoretical basis of this method, in focusing on some conceptual difficulties that arise from its application in simple, additive contexts. Especially, I will address two related problems stemming from the use of inclusive fitness as a measure of biological utility, based on a standard model of rational choice. I will then argue that the very idea of inclusive fitness maximization can only be justified, with regard to the principles of rational choice, when two additional conditions are met by the focal agents, namely phenotypic plasticity (i.e. the ability to respond to social cues in the environment) and the ability to discriminate between relatives. This last condition, as I will show, imposes a rather stringent limitation on the application of the analogy in social evolutionary theory.

Mots-clés : Altruism; Inclusive Fitness; Rational Choice

14h00 – 15h10 : Évolution expérimentale**To be locally adapted or not? Insights from a worldwide multi-site experiment in the allopolyploid shepherd's purse (*Capsella bursa-pastoris*)****Amandine CORNILLE**Cornille A.^{1*}, Huang H.², Salcedo A.³, Kryvokhyzha D.¹, Holm K.¹, Glémin S.¹, Wright S.³, Lascoux M.¹

¹. Department of Ecology and Genetics, Evolutionary Biology Centre, Science for life Laboratory, Uppsala University, Uppsala, Sweden ². Key Laboratory of Plant Resources Conservation and Sustainable Utilization, South China Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Guangzhou 510650, China ³. Department of Ecology and Evolutionary Biology, University of Toronto, Toronto, Canada*corresponding author:

amandine.cornille@gmail.com

Local adaptation of populations through spatially varying natural selection is one of the possible mechanisms behind ecological speciation and has therefore been the main focus of evolutionary studies over the past decades. However, how natural selection shapes variation in phenological traits in contrasted environments is still poorly understood. Most studies on local adaptation at the phenotypic level have been based on reciprocal transplant or common garden experiments. In these experimental designs, all plants are grown under both native and non-native environments, allowing the detection of adaptive differences among populations. The shepherd's purse (*Capsella bursa-pastoris*) is an annual selfer allotetraploid species and is becoming a model system in evolutionary ecology. It originated rather recently in Eurasia but has today a worldwide distribution. Despite its recent spread, the shepherd's purse shows spatial variation in flowering phenology among populations across Eurasia, but it is yet not known to what degree this variation contributes to local adaptation. Here, we use a multi-site common garden experiment to explore evidence for local adaptation across a wide geographic area. A total of 268 *C. bursa-pastoris* accessions originating from Eurasia and the Middle East were grown under three sites in Northern Europe, Southern China and Southern Canada. The 268 accessions were recently genotyped at about 4,000 SNPs, and their genetic structure and past demography were analyzed. In each site, we monitored the phenology and fitness of each accession over the course of the growing season. To uncover evidence of local adaptation we tested whether there was a statistical relationship between the fitness of the accessions in each site and their genetic and environmental distances to the site, taking into account the population genetic structure previously inferred. Altogether, our results revealed unexpected pattern of local adaptation across Eurasia in this allopolyploid selfer.

Mots-clés : Brassicaceae, genetic drift, divergent selection, spatial scale, adaptive divergence

Évolution expérimentale *in silico*

Guillaume Beslon

Guillaume Beslon, INSA-Lyon, LIRIS, UMR CNRS 5205, Equipe INRIA Beagle. Carole Knibbe, UCBL, LIRIS, UMR CNRS 5205, Equipe INRIA Beagle.
guillaume.beslon@inria.fr

L'évolution expérimentale *in silico* consiste à simuler les processus de variation et de sélection propres à l'évolution Darwinienne mais en les appliquant à des objets numériques modélisant des organismes biologiques. Cette approche, à mi-chemin entre empirisme et théorie, permet d'identifier expérimentalement des mécanismes de sélection indirecte liés, par exemple, aux conditions de vie des organismes, à leur structure moléculaire ou aux opérateurs de variation. Elle permet en particulier de disposer de fossiles numériques complets et de connaître l'intégralité des événements (fixés ou non) ayant concouru à l'évolution de la population. Dans cette présentation nous détaillerons les principes généraux de l'évolution expérimentale *in silico*, la méthodologie associée et la complémentarité de cette approche par rapports aux modèles plus classiques. Dans un second temps, nous présenterons le modèle aevol et les questions variées qu'il permet d'aborder. Enfin, nous prendrons l'exemple de l'évolution de la taille du génome sous l'effet des grands réarrangements chromosomiques pour montrer comment évolution expérimentale *in silico*, modélisation mathématique et données réelles peuvent être avantageusement combinées.

Mots-clés : Evolution expérimentale, modélisation, simulation, taille des génomes

The many routes to blooming as outcomes of a divergent selection experiment for flowering time in maize

Christine Dillmann

Christine Dillmann, Eléonore Durand, Maéva Mollion, Martine Le Guilloux, Hélène Corti, Adrienne Ressayre, Maud Tenaillon
dillmann@moulon.inra.fr

Long term selection experiments bring unique insights on the genetic architecture of quantitative traits and their evolvability. Indeed, they provide the opportunity to (i) investigate the contribution of non allelic interactions; (ii) evaluate the role of standing variation versus new mutations during adaptation; (iii) monitor changes in allele frequencies and therefore assess the number of genomic regions involved in the trait determinism, and their effects. Here we describe genetic and phenotypic evolution of two independent Divergent Selection Experiments (DSEs) for flowering time conducted during 18 years from two early maize inbred lines. Our experimental design includes selfing as mating system and small population sizes so that two independent families evolved within each population, Late and Early. Observed patterns are strikingly similar between the two DSEs. We observed a significant response to selection in both directions during the first 7 generations of selection. Within Early families, the response is linear through 16 generations, consistent with the maintenance of genetic variance. Within Late families and despite maintenance of significant genetic variation across 16 generations, the response to selection reached a plateau after 7 generations. This plateau is likely caused by physiological limits.

We investigated phenotypic changes underlying variation in flowering time among Early and Late populations of the DSEs. We observed changes at different phenotypic levels indicating that response to selection is variable among the nine different families that composed the two DSEs. Both growth rates and major developmental transitions (the juvenile to adult transition required for the onset of reproductive development and the floral transition marking the end of vegetative growth and the onset of reproductive development) were affected allowing to decompose flowering time into different components explaining why sustained responses to selection occurred in our DSEs.

Mots-clés : experimental evolution, selection, maize