

Influence des pratiques de gestion sur l'assemblage des communautés végétales de la bordure « route-champ cultivé »

Rémi PERRONNE

Clémence CHAUDRON¹, Rémi PERRONNE^{2,3}, Sébastien BONTHOUX^{1,4}, Francesca DI PIETRO¹
¹Université François Rabelais, UMR CNRS 7324 CITERES, IPAPE, 33 avenue Ferdinand de Lesseps, 37200 Tours, France
- ²INRA, UMR1347 Agroécologie, 17 rue Sully, 21000 Dijon, France - ³INRA, UMR 0320 Génétique Quantitative et Evolution – Le Moulon, 91 190 Gif-sur-Yvette, France - ⁴INSA CVL, ENP, 9 rue de la Chocolaterie, 41000 Blois, France
remi.perronne@moulon.inra.fr

En France, les bords de route sont composés de quatre compartiments: une zone de sécurité, une berme, un fossé et un talus. Leur gestion repose essentiellement sur la fauche, une perturbation dont la fréquence et la précocité peuvent varier au cours d'une saison. L'influence des pratiques de fauche sur la diversité et la composition floristique des différents compartiments du bord de route est connue, mais peu d'études se sont intéressées à l'influence de ces pratiques sur la flore du bord intérieur du champ.

Nous avons étudié l'influence du contexte paysager et du compartiment sur la composition des communautés herbacées et l'effet des pratiques de gestion sur l'évolution de la diversité et de la composition floristique des communautés entre compartiments d'une bordure route-champ.

Dominée par des cultures de céréales, notre zone d'étude se situe dans la région Centre. Deux contextes paysagers caractérisés par des différences de surfaces forestières et d'intensité de gestion du bord de route ont été sélectionnés. Dans chaque contexte paysager, des relevés de flore ont été conduits dans la berme, le talus et le bord intérieur du champ de 20 bordures comprenant des céréales d'hiver.

Sur la base d'une analyse multivariée, nous avons pu identifier que le contexte paysager et le compartiment étudié influençaient tous deux la composition des communautés. Une procédure de décomposition de la dissimilarité taxonomique a permis de déterminer que les différences de composition entre compartiments étaient principalement dues à des changements d'espèces dominantes. Enfin, ces changements d'espèces dépendent du régime de fauche appliqué, celui-ci pouvant modifier l'abondance des espèces présentes en bord de route et de certaines adventices du bord intérieur du champ.

Nous suggérons que les programmes de gestion des bords de routes devraient tenir compte du contexte paysager et de l'influence probable de cette gestion sur la flore adventice du bord de champ.

Mots-clés : berme, talus, bord de champ, fauche, dissimilarité, adventices

High-resolution monitoring of evolutionary dynamics

Alejandro Couce

Alejandro Couce, Andre Birgy A, Coralie Pintard and Olivier TenaillonINSERM, Université Paris-Diderot et Paris Nord, France
alejandro.couce@inserm.fr

The dramatic drop in price of next generation sequencing (NGS) has opened the opportunity to study the molecular basis of adaptation at an unprecedented level of resolution. Important insights gained in the last decade include the recognition that adapting microbial populations harbour multiple clones competing with each other, and that epistatic interactions lead to an unavoidable deceleration of the rate of adaptation over time. Here we use NGS to track natural and artificial molecular markers in lineages from two well-known long-term microbial evolution experiments. This approach will allow us to measure how the distribution of fitness effects changes along with adaptation. The ultimate goal is to understand what are the factors that drive this phenomenon, as well as to define whether it could render the evolutionary process reproducible or even predictable.

Mots-clés : NGS, adaptation, markers, experimental evolution, epistasis

Lattice proteins meet Fisher's Geometric Model of Adaptation

Harry Kemble

Harry KEMBLE, INSERM U1137 IAMEJulien GUGLIELMINI, INSERM U1137 IAME Olivier TENAILLON, INSERM U1137 IAME
harry.kemble@inserm.fr

Due to their computational tractability, protein lattices, *in silico* model proteins configured on 2D or 3D lattices, have proved deeply useful in the investigation of basic evolutionary problems, with recent examples including adaptive conflict and long-term survivability. Fisher_Geometric Model is a simple phenotypic model of adaptation in which individuals move by mutation in a multi-dimensional phenotypic space, with their fitness varying as some decreasing function of their distance from an optimal combination of phenotypes. As with protein lattices, its power comes from its simplicity, and it has proved its worth by successfully predicting several general characteristics of biological evolution, such as the shape of fitness trajectories. However, a biological interpretation of one of its key parameters, phenotypic complexity, is missing. Here, we use an evolutionary 2D lattice model in which fitness is defined as stability - specifically, the proportion of time a protein sequence spends in its most stable (native) conformation - to question the biochemical meaning of a protein_phenotypic complexity.

Mots-clés : Protein lattice; Fisher_Geometric Model of Adaptation (FGMA); Phenotypic complexity; Evolutionary protein biophysics

La sélection positive et la diversification des métabolites secondaires chez les plantes

Malika OUASSOU

Malika OUASSOU^{1,2}, Juergen KROYMANN¹, Marina PFALZ¹, Amal El Amrani^{1,2}

¹ Laboratoire Ecologie Systématique et Evolution, Campus d'Orsay - ² Laboratoire Océanologie et Risques Naturels, FST Tanger
malika.ouassou@u-psud.fr

La sélection positive conduit à la diversification du métabolisme secondaire des plantes, exemple de glucosinolates qui ont un rôle crucial dans la défense des plantes de types crucifères contre les herbivores. Chez *Arabidopsis thaliana*, il a été montré que les gènes MAMs qui interviennent dans l'étape précoce de la biosynthèse des glucosinolates interagissent à plusieurs locis ce qui assure à la plantes des adaptations à de nouvelles attaques biotiques.

Mots-clés : Glucosinolates, Selection positive, adaptation, evolution, gènes MAM

Émergence et maintien de la ménopause humaine

Valentin THOUZEAU

Valentin THOUZEAU, Eco-Anthropology and Ethnobiology Lab, UMR 7206, 57 rue Cuvier, Museum National d'Histoire Naturelle, 75005 Paris, France ; Michel Raymond, Institute of Evolutionary Sciences, University of Montpellier, CNRS, IRD, EPHE CC 065, Place Eugène Bataillon, 34095 Montpellier cedex 05, France,
vthouzeau@mnhn.fr ; michel.raymond@univ-montp2.fr

Menopause, the permanent cessation of ovulation, occurs in women well before the end of their expected life span. Several adaptive hypotheses have been proposed to solve this evolutionary puzzle, each based on a possible fitness benefit derived from an early reproductive senescence, but no consensus has emerged. The construction of a game theory model allowed us to jointly study several hypotheses through a synthetic framework. Four classical hypotheses on the benefits of menopause were considered (decreased maternal mortality, increased grandmothing, decreased conflict over reproductive resources between older and younger females, and changes in their relatedness) plus a fifth one derived from a possible pleiotropic trade-

off. Interestingly, the conditions for the emergence of menopause are more restrictive than those for its maintenance due to the social and familial changes induced by the occurrence of non-reproductive older women. Detailed analyses of the model suggest that it is unlikely that only one hypothesis explains the emergence or the maintenance of menopause. Most likely, a combination of factors could help understand the evolution of menopause.

Cant, M. A. & Johnstone, R. A. 2008. Reproductive conflict and the separation of reproductive generations in humans. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 105, 5332–5336.

Hill, K. & Hurtado, A. M. 1991. The evolution of premature reproductive senescence and menopause in human females. *Human Nature* 2, 313–350.

Lahdenperä, M., Gillespie, D. O. S., Lummaa, V. & Russell, A. F. 2012. Severe intergenerational reproductive conflict and the evolution of menopause. *Ecology Letters* 15, 1283–1290.

Peccei, J. S. 2001. Menopause: Adaptation or epiphenomenon? *Evolutionary Anthropology*: 10, 43–57.

Shanley, D. P., Sear, R., Mace, R. & Kirkwood, T. B. 2007. Testing evolutionary theories of menopause. *Proceedings of the Royal Society B* 274, 2943–2949.

Mots-clés : Maternity cost; Grandmothering; Conflict over resources; Kin selection; Pleiotropy.

Crop-to-wild gene flow influenced by human activities: insights from the cultivated apple and its wild European relative

Feurtey* A., Amandine Cornille*, Tenaillon M., P. Gladieux, Branca A., Giraud T.

amandine.cornille@gmail.com

Ce projet vise à 1) comprendre les facteurs anthropiques qui influencent les probabilités de flux de gènes du pommier cultivé *Malus domestica* vers le pommier sauvage *M. sylvestris* (notamment la fragmentation du paysage, le nombre ou la surface des vergers, ou les changements de pollinisateurs), 2) déterminer quelles régions génomiques sont concernées par ces flux de gènes (notamment régions codantes ou non, contenant des gènes particuliers) et si elles ont un impact sur l'adaptation (en regardant si les régions génomiques montrent des signatures de sélection et en réalisant des tests de valeurs sélectives) à la fois chez le pommier cultivé et le pommier sauvage.

Le LabEx BASC : Biodiversité, Agroécosystèmes, Société, Climat

Cécile Blanc, LabEx BASC, Paul Leadley, ESE

cecile.blanc@agroparistech.fr

Le **Laboratoire d'Excellence BASC** fédère dix laboratoires dans un projet de recherche multidisciplinaire orienté vers la compréhension et la prédiction de la dynamique des socio-écosystèmes dans le contexte des changements globaux, en particulier des changements climatiques. L'un des thèmes fédérateurs est l'application de concepts et méthodes d'agroécologie pour l'augmentation de la viabilité et de la capacité d'adaptation des agro-écosystèmes et de l'ensemble des terres agricoles. BASC vise à la conception et la mise en œuvre de stratégies innovantes de gestion durable, en s'appuyant sur un fort potentiel d'innovations techniques, technologiques et organisationnelles ; BASC se donne également pour objectif la diffusion des connaissances vers le public, les gestionnaires de ressources naturelles et les décideurs. Dans le cadre de formations universitaires et de la formation continue, le Labex BASC œuvre également au développement d'une vision large des sciences du développement durable.

Assessing Nitrogen Use Efficiency Variability in Sorghum

Awada F.¹, Amiour N.³, Kroymann J.¹, Robert T.^{1,2} and Takvorian N.^{1,2}

¹ UMR 8079, ESE, Bât 360-362, U. Paris Sud, Orsay, 91405

² UPMC, 4 place Jussieu, 75252, Paris cedex 5

³ UMR 1318- IJPB - INRA Versailles-AgroParis Tech - Route St Cyr, 78026- Versailles

thierry.robert@u-psud.fr

L'azote est un nutriment indispensable pour le développement des plantes dont les céréales. Il entre dans la composition de diverses molécules fondamentales à la vie et constitue un facteur clé pour leur productivité. L'obtention de bons rendements des cultures nécessite donc l'optimisation de son utilisation afin d'éviter l'épandage excessif d'intrants azotés et favoriser le développement d'agriculture productive mais durable. Notre projet de recherche consiste à analyser la variabilité de l'efficacité de l'utilisation d'azote : NUE (Nitrogen Use Efficiency) durant le développement du Sorgho (*Sorghum bicolor* L. Moench). Des analyses biochimiques et moléculaires seront combinées pour évaluer la réponse à des conditions limitantes en azote, de divers organes de sept géotypes de Sorgho sélectionnés pour leur diversité génétique. Des marqueurs biochimiques indicateurs de l'état nutritionnel en azote ainsi que l'activité enzymatique de la Glutamine Synthétase, enzyme clé de l'assimilation de l'azote seront dosés. La variabilité d'expression de gènes candidats identifiés pour leur implication dans la NUE chez d'autres espèces sera examinée. Les résultats obtenus permettront d'identifier les marqueurs indicatifs de l'état nutritionnel azoté et les stades de prélèvement critiques pour la NUE durant le développement exploitables dans des études à plus grande échelle.

Evolution of pearl millet diversity driven by farmer's practices: a multi-level assessment

Jika Naino A.^{1,2}, Dussert Y.^{1,3}, Snirc A.¹, Cueff G.⁴, Gonneau M.⁴, Rajou L.⁴, Zivy M.⁵, Luxereau A.⁶, Toudou A.² and Robert T.^{1,3}

¹ UMR 8079, ESE, Bât 360-362, U. Paris Sud, Orsay, 91405

² UAM, BP 11040, Niamey, Niger

³ UPMC, 4 place Jussieu, 75252, Paris cedex 5

⁴ UMR 1318- IJPB - INRA Versailles-AgroParis Tech - Route St Cyr, 78026- Versailles

⁵ UMR Génétique Quantitative et Evolution-Le Moulon, 91190 Gif-sur-Yvette

⁶ CNRS-MNHN

kader.naino@u-psud.fr

Growing and exchanging a portfolio of crops and varieties which are complementary in some aspects (agronomic or nutritionally) is a key factor for food security in Sahel. However, patterns and dynamics of crop diversity assessed at different levels (genetics, biochemistry, agronomic) are still poorly understood. We studied the relationship between neutral genetic diversity, phenology and seed biochemical compounds characteristics of pearl millet landraces in south western Niger, a major cereal in this region, in an area corresponding to two ethno-linguistic zones (Zarma and Hausa populations). The purpose was to better understand the interplay of gene flow and farmers' selection in the evolution of varietal types (mainly those classified as early and late flowering by farmers themselves) in this area where contrasted rainfall patterns prevail.

Neutral genetic diversity at this scale is globally not correlated to rainfall gradients but is rather structured in two main clusters which coincide with human ethno-linguistic diversity. This result suggests the existence of social barriers to effective gene flow between ethno-linguistic groups. In addition there is very little or no differentiation between landraces grown by the same ethno linguistic group for neutral markers. This confirms seed flow, in this crop having high social and cultural values, may be strongly ruled by social factors. Our results also show the very weak differentiation at neutral markers and for cycle-length of some landraces grown in same localities and classified by farmers as early and late flowering landraces. This confirms the

existence of pollen flow between them, as shown by other authors, especially in the most northern (drier) areas. However, we observed a clear differentiation between these varietal types for post harvest characters that are commonly the only used by farmers to select seeds for next generation. This suggests farmers practices are operating to maintain perceptual distinction between their different landraces but not always to maintain phenology differences. The absence of phenotypic correlations between the two types of traits could explain this dichotomy. Finally, we used a proteomic approach to carry out one of the first assessment of diversity for seed biochemical compounds of a collection of landraces which correspond to different culinary uses and organoleptic characteristics.

Mots-clefs : pearl millet; population genetic structure; gene flow; seeds exchanges; genetic resources; genetic diversity; cultural diversity; landraces; biochemical diversity, phenology, genotype environment interaction.

Landscape genomics: how do invasive mosquito populations adapt to new environments?

Laurence Després, Delphine Rioux, Emile Naiken, Charlotte Pougnet-Lagarde

Laboratoire d'Ecologie Alpine, Université J. Fourier, UMR CNRS 5553, Grenoble, France
laurence.despres@ujf-grenoble.fr

Aedes aegypti and *Aedes albopictus* are two tropical mosquito species, vectors of several human viruses. They originate from Africa and South East Asia respectively and have recently increased their distribution range worldwide, thanks to human large scale movements. *Aedes aegypti* colonized the Caribbean islands from Africa some 400 years ago during the slave trade and from there the whole tropical regions. The tiger mosquito *Aedes albopictus* is emerging as an invasive species since only a few decades, but it is not restricted to the tropical regions and is able to colonize even temperate regions all over the world. We analyzed the genomic diversity and population structure of 15 populations of *Ae. aegypti* from the Antilles islands, and of 12 populations of *Ae. albopictus* from la Réunion island together with individuals sampled in the colonization front in metropolitan France (région Rhône-Alpes), by using several hundreds of SNPs (ddRADseq). A landscape genomics analysis shows that both anthropic (eg, human density) and climatic factors (temperature, precipitations) drive adaptive variation in *Aedes aegypti* populations, while the tiger mosquito populations appear to be mainly constrained by cold temperatures.