

HABILITATION A DIRIGER DES RECHERCHES

Date de la soutenance : **25 mars 2025**

Nom de famille et prénom de l'auteur : **Monsieur LEFEBURE Tristan**

Titre des travaux : « *Evolution des génomes au travers d'une grande transition écologique* »



Résumé

J'ai démarré une activité de recherche en 2001 d'abord sur des problématiques de taxonomie moléculaire et de phylogéographie, puis de génomique comparative bactérienne, puis de génomique évolutive en milieu souterrain et enfin de nouveau en écologie moléculaire. Bien que l'on puisse intégrer toutes ces activités dans le champs thématique de l'écologie génomique, mon HDR se concentrera sur mes activités de recherche en génomique évolution souterraine et mes activités autour de l'étude de l'écologie des ADN dans les hydrosystèmes.

Les milieux souterrains, des modèles écologiques pour mieux comprendre les phénomènes de convergence et l'impact à long terme de la dérive génétique

Le milieu souterrain est un milieu extrême où les principaux facteurs limitant sont l'absence de lumière et la rareté des ressources nutritives. Ces caractéristiques ont conduit les organismes souterrains à partager de nombreux traits physiologiques, comportementaux, et d'histoire de vie. Les habitats souterrains sont aussi caractérisés par leur stabilité, leur abondances et leur fragmentation. Ces spécificités ont modelé une riche biodiversité caractérisée par l'explosion spécifique de certains genres en une multitude d'espèces allopatriques qui ont pour la plupart colonisé indépendamment le milieu souterrain. Le milieu offre donc de multiples transitions environnementales indépendantes et convergentes qui font des milieux souterrains, un modèle environnemental particulièrement adéquat à l'étude de l'évolution et en particulier à l'étude du phénomène de convergence. Je travaille depuis plusieurs années à développer un nouveau modèle biologique au sein des Isopodes Asellidae. Cette famille renferme de nombreuses espèces souterraines et de surface. Un premier travail de reconstruction phylogénétique a permis de définir de multiple couples d'espèce souterraines et de surface formant autant de répliquats naturels de la même transition écologique. Pour plus d'une dizaine de couples d'espèces, un long travail d'acquisition et d'assemblage de données génomiques a été entrepris et a permis de tester des questions générales en biologie tel que le lien entre composition des ressources nutritives et composition du protéome et du transcriptome, le lien entre tailles de génomes et tailles efficace de populations, et l'impact des traits d'histoire de vie sur les taux de mutation. J'utilise également les caractéristiques uniques de ce modèle biologique pour cette fois tester directement le lien entre convergence du phénotype et convergence génomique. Enfin, associé au fortes diminutions en ressources nutritives, les milieux souterrains contraignent la taille de population des espèces souterraines, augmentant ainsi l'effet de la dérive génétique sur un très grand nombre de génération. J'étudie l'impact de cette dérive génétique sur l'évolution de l'architectures des génomes : taille des génomes, contenu en éléments répétés, structure et expression des gènes.

Que ce soit pour décrire les patrons de biodiversité à grande échelle, comprendre l'influence relative des processus de dispersion ou de sélection structurant les communautés, ou encore pour évaluer l'état écologique d'un écosystème, une étape primordiale est la description des espèces présentes. Les approches classiques de tri morphologique sont souvent limitées par leur résolution taxonomique, leur lenteur et leur coût tout en ayant un fort impact sur la diversité en place. Pour pallier à ces limitations l'utilisation directe de l'ADN de l'environnement (ADNe) pour décrire les communautés est en pleine expansion. Je développe des approches moléculaires et bioinformatique pour que les approches utilisant les ADNe soit plus performantes et applicables à tous les milieux aquatiques y compris les milieux intermittents et les eaux souterraines. Je coordonne depuis Janvier 2024 un projet du PEPR OneWater (Projet ALIQUOT) qui a pour objectif de combler les manques de connaissances sur l'écologie des ADNe par l'acquisition de connaissances fondamentales sur la dynamique spatio-temporelle des ADNe dans les écosystèmes aquatiques continentaux afin de les mettre à profit pour identifier des solutions favorisant l'adaptation et la résilience des socio-écosystèmes. ALIQUOT vise à développer de nouvelles méthodologies permettant de décrire qualitativement et quantitativement la biodiversité, surveiller l'émergence d'espèces non-natives ou pathogènes et caractériser la santé et le fonctionnement de ces écosystèmes de façon fiable et reproductible. Dans ce projet, je suis particulièrement en charge de la description des transferts spatiaux et de la dynamique temporelle des ADNe dans les écosystèmes.