

# Evolution du répertoire de gènes lors d'une transition environnementale majeure

## Contexte du projet de thèse

Les répertoires de gènes portés par les organismes présentent une très forte évolutivité<sup>1</sup>. Bien que la construction de ces répertoires de gènes dépende souvent de contingences historiques<sup>2,3</sup>, l'évolution des répertoires de gènes a d'évidentes implications éco-évolutives pour la fitness des organismes et les processus écosystémiques (eg. recyclage de la matière organique). Malgré leur importance, les facteurs et processus évolutifs qui contrôlent le gain ou la perte de gènes sont encore assez mal connus et compris. La prise en compte du répertoire de gènes des communautés microbiennes qui vivent en association avec leur hôte complique d'autant plus notre compréhension : c'est alors le répertoire de l'holobionte qu'il faut reconstruire pour mieux cerner son évolution<sup>4</sup>. Ce projet a pour objectif de mieux comprendre les facteurs qui contrôlent l'évolution des répertoires de gènes en s'attaquant à deux aspects peu étudiés : la complémentarité au microbiote digestif et la perte de gènes suite à la perte de fonctions. Ces deux aspects seront abordés en utilisant un modèle biologique d'une transition écologique majeure observée de multiples fois chez les Isopodes Asellidae : le passage à la vie souterraine. L'étude de plusieurs paires d'espèces de surface et souterraines d'Asellidae (Fig.1) permet d'évaluer l'impact d'un très fort contraste écologique sur un grand nombre d'espèces qui acquièrent et perdent des traits de façon convergente<sup>5</sup>. Le modèle Asellidae est donc un modèle naturel puissant pour comprendre comment le répertoire de gènes répond aux contraintes écologiques et en particulier à l'évolution du régime alimentaire, de la composition du microbiote digestif et à la perte de traits phénotypiques.

Autour d'un modèle écologique original, de l'intégration de données génomiques et environnementales, et par un approche de génomique évolutive, nous proposons alors d'aborder deux **questions fondamentales en écologie trophique et génomique évolutive** : (1) les changements trophiques modulent-ils le répertoire de gènes de l'holobionte, et (2) les pertes de traits conduisent-elles à des pertes de gènes, et sont-elles adaptatives ?

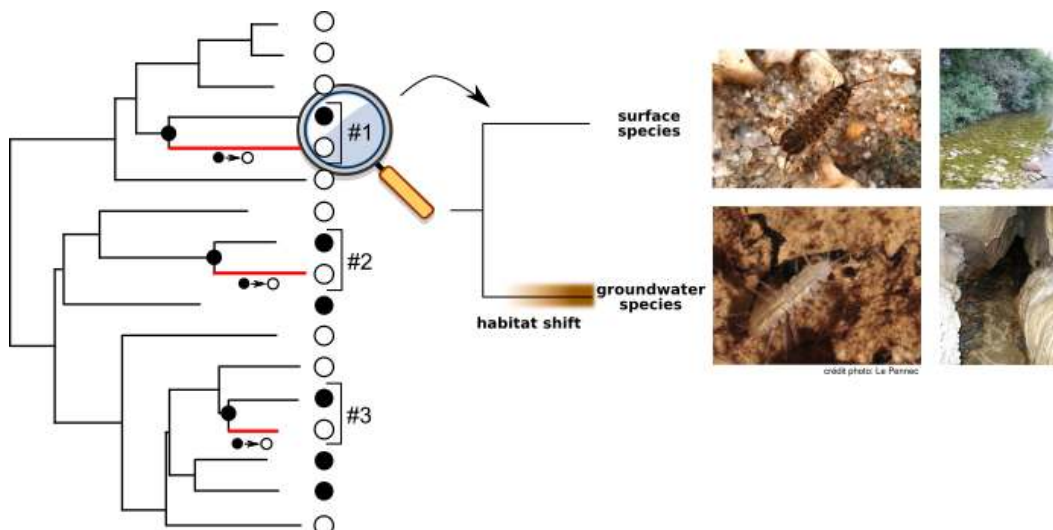


Figure 1 : Exemple de trois paires d'espèces d'Asellidae souterraines (rond blanc) et de surface (rond noir) avec photos des organismes et de leur habitat. Dans chaque paire d'espèces, la transition du milieu de surface vers le milieu souterrain a lieu sur la branche rouge.

## Objectifs et méthodologie

### Axe 1 : Évolution du répertoire de gènes et écologie trophique

L'impact d'un changement de régime alimentaire sur les répertoires de gènes a déjà, de par son importance fonctionnelle, été étudié sur certains modèles biologiques (eg. transition vers la myrmécophilie chez les mammifères<sup>6</sup>) mais ces études se focalisent généralement sur un gène. Une approche plus globale, sur des groupes impliqués dans des processus clés du fonctionnement des écosystèmes, reste à être effectuée.

Lors de la colonisation du milieu souterrain, les Asellidae passent d'un régime alimentaire de détritivores constitué principalement de feuilles mortes en décomposition à un régime alimentaire basé sur les biofilms microbiens souterrains, qui constituent la majeure ressource trophique dans ces milieux<sup>7,8</sup>. Un tel changement a de fortes implications car l'acquisition de nutriments et d'énergie à partir de feuilles en décomposition dans les rivières de surface requiert l'action d'enzymes spécifiques (les CAZymes) pour dégrader les composés ligno-cellulosiques. La transition vers un régime alimentaire dominé par les biofilms microbiens implique donc une forte relaxation de la pression de sélection sur ces **CAZymes**, ce qui en fait une cible de choix pour étudier la **dynamique du répertoire de gènes des métazoaires lors d'un changement drastique de leur régime alimentaire**. Pour cela, les **génomés et les transcriptomes de 10 paires** (Fig.1) d'espèces de surface / souterraines (déjà acquis, voir ci-dessous) seront analysés afin de caractériser le répertoire de gènes de dégradation de la lignocellulose, ainsi que leur expression, et faire le lien avec leur habitat et régime alimentaire.

Le répertoire de gènes des Asellidae n'est pas le seul déterminant de leurs capacités d'assimilation. Il est maintenant démontré que le **microbiote digestif** joue un rôle central dans la digestion et l'acquisition de nutriments<sup>9</sup>, et que la composition de ce microbiote évolue en fonction du régime alimentaire de l'hôte<sup>10</sup>. Il est donc nécessaire d'inclure les communautés digestives pour comprendre comment évoluent les contraintes en termes de capacités de digestion et d'assimilation sur le génome-hôte lors d'une transition d'habitat et de régime alimentaire. De potentielles pertes dans le génome-hôte pourraient par exemple être compensées par des modifications dans la composition des communautés digestives. Pour cela, sur un subset des 10 paires d'espèces, le **métagénome** des microbiotes digestifs sera utilisé pour caractériser leur répertoire de gènes de dégradation de la lignocellulose, ce qui permettra d'estimer le niveau de **complémentarité et de redondance** entre les répertoires fonctionnels de l'hôte et de son microbiote.

L'objectif général de ce premier axe est donc de caractériser à quel point un changement de régime alimentaire va impacter le répertoire de gènes portés par un métazoaire, et comment cette dynamique est modulée par les changements concomitants de la composition fonctionnelle de son microbiote digestif.

### Axe 2 : Evolution du répertoire de gènes et pertes de fonction

La biologie évolutive s'est concentrée sur la construction et l'optimisation de traits, plus rarement sur la **perte de traits**. La question des processus impliqués dans la perte de traits est pourtant très ancienne<sup>11</sup> et demeure le sujet de nombreux débats<sup>12</sup>. On ne sait par exemple toujours pas si la perte de trait et la non-fonctionnalisation de gènes est un processus adaptatif ou résultant de processus neutres (mutation et dérive génétique). Avec la démocratisation de la génomique, l'étude de la perte de traits est redevenue un sujet central en biologie<sup>13</sup> et en particulier le **rôle de la perte de gènes dans l'évolution des phénotypes**<sup>14</sup>.

Les populations souterraines de téléostéens sont de puissants modèles pour étudier la perte de fonctions, mais ils sont néanmoins limités par le faible nombre de contrastes étudiés et l'âge récent des populations souterraines<sup>15</sup>. Le modèle Asellidae est donc particulièrement pertinent pour décrire comment les pertes de fonctions associées à la transition vers le milieu souterrain

(comme la vision, la pigmentation, le gardiennage de femelles...) sont associées à des pertes de gènes. A l'aide d'approches phylogénétiques, pour les 10 paires d'espèces de surface et souterraines et leur génomes, nous estimerons les taux de gains et de pertes de gènes, et testerons si une augmentation de perte de gènes est observée dans les fonctions qui ont régressées. Une analyse similaire sera également effectuée sur l'expression des gènes. Enfin, en utilisant des données de polymorphisme déjà acquises, nous testerons si les gènes se non-fonctionnalisant montrent des **signatures de sélection positive** qui attesteraient que ces pertes sont adaptatives.

### **Environnement du projet**

Le projet de thèse se déroulera au Laboratoire d'Ecologie des Hydrosystèmes Naturels et Anthropisés (LEHNA) à l'Université Lyon 1 (<https://umr5023.univ-lyon1.fr/>).

Ce projet s'appuie fortement et complète l'ANR JCJC DIET (portée par C. Francois), qui étudie l'influence du microbiote digestif des détritivores sur la décomposition des litières de feuilles dans les hydrosystèmes (2023-2028). Le séquençage des microbiotes digestifs d'Asellidae est mené dans le cadre de cette ANR. Ce projet s'appuie également sur les données acquises dans le cadre de l'ANR NeGA (portée par T. Lefébure) qui a déjà permis de générer les assemblages de génomes et de transcriptomes ainsi que des données de polymorphisme pour les 10 paires d'Asellidae. Les jeux de données de séquençage qui soutiendront ce projet de thèse sont donc déjà acquis ou en cours d'acquisition, et permettront, combinés, de répondre à de nouvelles questions.

La personne recrutée travaillera en interaction avec l'ingénieur bio-informatique et le post-doctorant recrutés dans l'ANR DIET. Les plateformes de la fédération de recherche FR BioEEnViS ainsi que le centre de calcul de l'IN2P3 assurent un accès à des clusters de calcul pour les analyses bio-informatiques qui sont au cœur de ce projet.

### **Direction de thèse**

Cette thèse sera co-dirigée par Clémentine François (<https://umr5023.univ-lyon1.fr/lehna/annuaire/profile/642-clementine-francois>) et Tristan Lefébure (<https://umr5023.univ-lyon1.fr/lehna/annuaire/profile/573>). La personne recrutée interagira également avec des chercheurs.euses de l'UMR LEHNA et d'autres laboratoires du site. Cette équipe d'encadrement apportera une expertise en analyses bio-informatiques de données de séquençage, concepts de génomique évolutive et d'écologie trophique<sup>7,8,16</sup>, ainsi qu'une connaissance poussée du modèle biologique Asellidae.

### **Compétences / profil attendu**

- Concepts de biologie et génomique évolutives
- Maîtrise des méthodes d'évolution moléculaire (recherche d'homologie, alignement, phylogénie...)
- Compétences en analyses bioinformatiques de données de séquençage et données génomiques, développement et implémentation de pipelines d'analyses reproductibles.
- Maîtrise d'un ou de plusieurs langages de programmation
- Rigueur et autonomie (organisation du travail)
- Capacités de rédaction et de communication
- Aptitude à travailler en équipe

## **Candidature**

Envoyez une lettre de motivation, un CV ainsi que le contact d'une personne référente à :

Clémentine FRANCOIS : [clementine.francois@univ-lyon1.fr](mailto:clementine.francois@univ-lyon1.fr)

Tristan LEFEBURE : [tristan.lefebure@univ-lyon1.fr](mailto:tristan.lefebure@univ-lyon1.fr)

Les candidatures seront évaluées au fil de l'eau.

Sélection du ou de la candidate prévue **fin Juillet**, pour un début de contrat prévu en **Novembre 2026**.

## **Références**

1. Fernández R, Gabaldón T. Gene gain and loss across the metazoan tree of life. *Nat Ecol Evol*. 2020;4(4):524-533. doi:10.1038/s41559-019-1069-x
2. Xie VC, Pu J, Metzger BP, Thornton JW, Dickinson BC. Contingency and chance erase necessity in the experimental evolution of ancestral proteins. Courtier-Orgogozo V, Przeworski M, Courtier-Orgogozo V, Blount ZD, eds. *eLife*. 2021;10:e67336. doi:10.7554/eLife.67336
3. Blount ZD, Lenski RE, Losos JB. Contingency and determinism in evolution: Replaying life's tape. *Science*. 2018;362(6415):eaam5979. doi:10.1126/science.aam5979
4. Wilson ACC, Duncan RP. Signatures of host/symbiont genome coevolution in insect nutritional endosymbioses. *Proc Natl Acad Sci*. 2015;112(33):10255-10261. doi:10.1073/pnas.1423305112
5. Saclier N, Duchemin L, Konecny-Dupré L, et al. A collaborative backbone resource for comparative studies of subterranean evolution: The World Asellidae database. *Mol Ecol Resour*. 2024;24(1):e13882. doi:10.1111/1755-0998.13882
6. Allio R, Teullet S, Lutgen D, et al. Transcriptomic data reveal divergent paths of chitinase evolution underlying dietary convergence in anteaters and pangolins. Mugal C, ed. *Genome Biol Evol*. Published online January 9, 2025:evaf002. doi:10.1093/gbe/evaf002
7. Francois CM, Mermillod-Blondin F, Malard F, et al. Trophic ecology of groundwater species reveals specialization in a low-productivity environment. Pfrender M, ed. *Funct Ecol*. 2016;30(2):262-273. doi:10.1111/1365-2435.12484
8. Francois CM, Simon L, Malard F, Lefébure T, Douady CJ, Mermillod-Blondin F. Trophic selectivity in aquatic isopods increases with the availability of resources. Killen S, ed. *Funct Ecol*. Published online February 2020. doi:10.1111/1365-2435.13530
9. Zimmer M, Bartholmé S. Bacterial endosymbionts in *Asellus aquaticus* (Isopoda) and *Gammarus pulex* (Amphipoda) and their contribution to digestion. *Limnol Oceanogr*. 2003;48(6):2208-2213. doi:10.4319/lo.2003.48.6.2208
10. Mikaelyan A, Dietrich C, Köhler T, Poulsen M, Sillam-Dussès D, Brune A. Diet is the primary determinant of bacterial community structure in the guts of higher termites. *Mol Ecol*. 2015;24(20):5284-5295. doi:10.1111/mec.13376
11. Darwin C, Darwin C, Murray J, William Clowes and Sons, Evans B&. *On the Origin of Species by Means of Natural Selection, or, The Preservation of Favoured Races in the Struggle for Life*. John Murray, Albemarle Street; 1859. doi:10.5962/bhl.title.82303
12. Culver DC, Kowalko JE, Pipan T. Natural selection versus neutral mutation in the evolution of subterranean life: A false dichotomy? *Front Ecol Evol*. 2023;11. doi:10.3389/fevo.2023.1080503
13. Porter ML, Crandall KA. Lost along the way: the significance of evolution in reverse. *Trends Ecol Evol*. 2003;18(10):541-547. doi:10.1016/S0169-5347(03)00244-1
14. Albalat R, Cañestro C. Evolution by gene loss. *Nat Rev Genet*. 2016;17(7):379-391. doi:10.1038/nrg.2016.39
15. Policarpo M, Fumey J, Lafargeas P, et al. Contrasting Gene Decay in Subterranean Vertebrates: Insights from Cavefishes and Fossorial Mammals. *Mol Biol Evol*. 2021;38(2):589-605. doi:10.1093/molbev/msaa249

16. Francois CM, Duret L, Simon L, et al. No Evidence That Nitrogen Limitation Influences the Elemental Composition of Isopod Transcriptomes and Proteomes. *Mol Biol Evol.* 2016;33(10):2605-2620. doi:10.1093/molbev/msw131