



Université Claude Bernard



DIPLÔME NATIONAL DE DOCTORAT

(Arrêté du 25 mai 2016)

Date de la soutenance : **6 décembre 2019**

Nom de famille et prénom de l'auteur : **SACLIER Nathanaëlle**

Titre de la thèse : *«Origine des variations de taux d'évolution moléculaire interspécifiques : apport d'un modèle génomique en milieu souterrain».*



Résumé

La vitesse à laquelle les séquences d'ADN évoluent varie selon les espèces. Ces différences peuvent venir de caractéristiques intrinsèques de l'espèce (taux métabolique, traits d'histoire de vie) ou de son environnement (rayonnements ionisants). L'objectif de cette thèse est de tester les principales hypothèses expliquant les variations de taux d'évolution moléculaire entre les espèces. Pour cela, les particularités des Asellidae souterrains ont été couplées avec des données de séquençage nouvelle génération dans le génome nucléaire et le génome mitochondrial. L'utilisation des Asellidae comme modèle biologique nous permet d'avoir, au sein du même groupe, des espèces ayant indépendamment effectuées une transition vers le milieu souterrain. Cette transition étant accompagnée de nombreux changements, tant biologiques (longévité, taux métabolique, temps de génération) qu'environnementaux, elle nous permet, au sein du même groupe, de pouvoir comparer des espèces contrastées en termes de longévité, de taille de populations, de rayonnements ionisants ou encore de productivité et de température. De plus, parce que ces organismes dispersent peu, ils persistent dans le même environnement durant de nombreuses générations, permettant de préciser et de quantifier les facteurs responsables de variations du taux d'évolution moléculaire entre les espèces.

Cette approche nous a permis de mettre en évidence un effet du temps de génération sur le taux d'évolution du génome nucléaire mais pas sur le génome mitochondrial. Un effet de la radioactivité naturelle, d'une ampleur analogue à celle du temps de génération a également été mis en évidence. Enfin, l'étude des variations des taux d'évolution moléculaire à une échelle globale a révélée des biais dans les calculs des taux de substitutions qui devront être pris en compte dans les études cherchant à établir le lien entre le taux de mutations et la diversification.