

**Ecole doctorale Environnements-Santé**  
**Dossier de projet de thèse « Contrat doctoral Etablissements »**  
**ANNEE 2025**

**1) Renseignements administratifs sur la direction de thèse<sup>1</sup> (1 page maximum) :**

Directeur de thèse HDR :

Nom : MONTUIRE

Prénom : Sophie

Section CNU : 36

Grade : *Directeur d'Etudes (DEex1)*

HDR : *Date de soutenance...2003..... Discipline : .....Paléontologie.....*

***l'HDR devra être soutenue, ou sa soutenance autorisée, au moment du dépôt du présent projet.***

Coordonnées (adresse, courriel, téléphone) : 6 bd Gabriel, 21000 Dijon, [sophie.montuire@u-bourgogne.fr](mailto:sophie.montuire@u-bourgogne.fr), 03.80.39.63.47

Unité d'appartenance (intitulé, label, n°, directeur) : UMR Biogéosciences, CNRS/UB/EPHE, 6282, T. Saucède

Equipe d'appartenance (intitulé, responsable) : BioME, Nicolas Navarro

Co-directeur de thèse éventuel :

Nom : KHIMOUN

Prénom : Aurélie

Grade : *MCf uB*

HDR : *non  ; oui  Date de soutenance..... Discipline : .....*

Coordonnées (adresse, courriel, téléphone) : 6 bd Gabriel, 21000 Dijon, [aurelie.khimoun@u-bourgogne.fr](mailto:aurelie.khimoun@u-bourgogne.fr), 03.80.39.62.28

UMR Biogéosciences, CNRS/UB/EPHE, 6282, T. Saucède

Equipe d'appartenance (intitulé, responsable) : BioME, Nicolas Navarro

Section CNU :

Grade :

HDR : *non  ; oui  Date de soutenance..... Discipline : .....*

Coordonnées (adresse, courriel, téléphone) :

Unité d'appartenance (intitulé, label, n°, directeur) :

**2) Descriptif du projet de thèse (devra inclure les rubriques suivantes) :**

- nom et label de l'unité de recherche (ainsi que l'équipe interne s'il y a lieu) :

**Biogéosciences UMR6282 Université Bourgogne Europe, CNRS, EPHE, Equipe BioME**

- localisation : **Université Bourgogne Europe, 6 bd Gabriel, 21000 Dijon**

- nom du directeur de thèse et du co-directeur s'il y a lieu : **Directeur Sophie Montuire / Co-directeur Aurélie Khimoun**

- adresse courriel du contact scientifique : [aurelie.khimoun@u-bourgogne.fr](mailto:aurelie.khimoun@u-bourgogne.fr)

<sup>1</sup> ATTENTION : selon l'article 16 de l'arrêté du 25 mai 2016, le total d'encadrants ne peut pas dépasser 2, sauf si l'un des encadrants appartient au monde socio-économique, qui peut venir en sus, ou en cas de co-tutelle; Le décompte des co-encadrements se fera au prorata du nombre d'encadrants : 1 pour 1 encadrant, ½ pour deux encadrants.

**- titre du projet : Génomique de la spéciation pour l'étude des radiations non-adaptatives: le cas de la divergence de lignées cryptiques chez les campagnols ouest-européens**

**- description du projet :** Le changement climatique global est l'une des principales menaces actuelles pour la biodiversité et la compréhension des processus qui ont joué un rôle dans les réponses aux changements climatiques passés peut permettre de prédire la réponse des espèces aux changements actuels. Ainsi, les oscillations climatiques rapides du Quaternaire offrent des expériences naturelles pour étudier le rôle des changements climatiques dans la divergence des lignées et les événements de spéciation, ainsi que les processus sous-jacents et la manière dont ces processus sont modulés par les traits écologiques des espèces (e.g. spécialisation d'habitat et capacité de dispersion).

Des travaux moléculaires récents montrent qu'une diversité cryptique importante observée en Europe de l'Ouest résulte des oscillations climatiques du Quaternaire, dont la datation la plus récente remonte seulement à 12 000 ans (Fletcher et al. 2019). Dans certains groupes, comme les petits mammifères, cette succession d'événements glaciaires et interglaciaires conduit à un taux de spéciation très élevé. Ces diversifications de lignées cryptiques (i.e., sans modification évidente du phénotype) ne sont pas accompagnées d'une divergence écologique forte et d'une adaptation à des niches différentes (i.e., radiation non-adaptative), mais résultent plutôt en un groupe d'espèces généralement allopatriques et occupant des niches similaires (Rundel & Price 2009). L'importance des radiations non-adaptatives semble avoir été sous-estimée et les processus sous-jacents sont bien moins compris que dans les cas de radiations adaptatives.

Les petits mammifères sont des organismes modèles pour étudier l'interaction des processus écologiques et évolutifs menant à la divergence des lignées et à la spéciation en lien avec les modifications environnementales. *Microtus* est un genre de rongeurs qui présente une distribution holarctique depuis le Pléistocène moyen, offrant un système pertinent pour étudier la réponse des populations et des espèces aux changements globaux. *Microtus* est largement distribué en Eurasie, dans divers habitats allant des plaines aux hautes altitudes. La systématique de ce genre, composé de plus de 65 complexes d'espèces, a récemment évolué, notamment en Europe de l'Ouest, mettant en lumière une richesse spécifique héritée des cycles glaciaires. Cependant, la distribution et les zones de contact des différentes entités au sein de ces complexes d'espèces sont mal définies. Nous nous concentrerons sur le complexe *Microtus agrestis*, une espèce clé de l'écosystème des prairies. Trois lignées moléculaires principales, une nordique, une méridionale et une lignée portugaise plus différenciée, ont été identifiées (Jaarola et Searle 2002, 2004 ; Pauperio et al. 2012), toutes considérées aujourd'hui comme des espèces sœurs : *M. agrestis*, *M. lavernedii* et *M. rozianus* respectivement (Kryštufek 2017). Bien qu'elles coexistent en France, les distributions géographiques de *M. agrestis* et *M. lavernedii* sont disjointes, offrant ainsi des zones de contacts secondaires potentielles.

Le projet de thèse s'articule autour de trois objectifs principaux :

**Objectif 1 : Délimiter les frontières géographiques des espèces et les zones de contact**

Les résultats préliminaires basés sur des données morphométriques (forme géométrique des dents ; Navarro et al. 2018) suggèrent l'existence de zones de contact en France le long de la Loire, dans la partie est de la Bourgogne et dans le Jura. Des échantillonnages supplémentaires dans ces zones de contact putatives ont été initiés (les échantillons sont déjà disponibles), et des séquences d'ADN mitochondrial (ADNmt) permettront une caractérisation plus précise des limites géographiques des deux espèces et de leurs zones de contact. De plus, au sein de *M. lavernedii*, les données d'ADNmt ont révélé la présence d'une structure génétique plus fine en deux haplogroupes répartis de l'Espagne à l'Autriche, avec une zone de

contact dans les Alpes françaises. L'échantillonnage sera complété afin i) de mieux caractériser la distribution géographique de la variabilité de l'ADNmt au sein de *M. lavernedii* et de *M. agrestis* et ii) de mettre en évidence les zones de contact potentielles entre *M. agrestis* et *M. lavernedii* ainsi qu'entre les haplogroupes au sein de *M. lavernedii*. Nos résultats mettront à jour les connaissances actuelles sur i) la délimitation géographique des espèces, ii) la structure spatiale de la variation mitochondriale (ADNmt) au sein des espèces et iii) les zones de contact entre les espèces et entre les lignées mitochondriales au sein des espèces. La confrontation des modèles contemporains de diversité génétique et de structure entre les deux espèces et entre les paires de lignées mitochondriales au sein des espèces fournira différents contextes, en fonction du degré de divergence génétique, le long du continuum de spéciation (Stankowski et Ravinet 2021).

## **Objectif 2 : Histoires démographiques, contextes géographiques et écologiques de la divergence des populations**

Les cycles glaciaires ont favorisé des contractions et des extensions pan-continentales des aires de répartition des espèces et semblent avoir structuré les deux espèces. La variabilité génétique semble différente entre les populations des deux espèces. En effet, les deux espèces occupent des contextes géographiques et paysagers différents. Des génomes complets de populations allopatriques seront utilisés pour mieux caractériser les histoires démographiques et les flux génétiques afin de reconstruire les histoires de colonisation. Les résultats contrastés des deux espèces fourniront des éclairages sur la dynamique de colonisation (par exemple, les dispersions à longue distance, les événements de colonisation-extinction) dans des paysages continus ou fragmentés. Nos résultats éclaireront les refuges pour le biome tempéré en Europe durant le Pléistocène, fournissant ainsi des éléments pour remettre en question/soutenir les modèles traditionnels des refuges méridionaux comme lieux de divergence évolutive ou des modèles alternatifs de survie dans des refuges cryptiques du nord (Stewart et Lister 2001).

## **Objectif 3 : Contacts secondaires et renforcement de la divergence génétique dans une radiation non-adaptative putative**

L'hybridation a suscité une attention particulière en biologie évolutive. Cependant, ses conséquences génomiques restent peu explorées en raison, en partie, des difficultés à disposer d'un échantillonnage adéquat et du manque de ressources génomiques disponibles. Nous proposons ici une étude approfondie du génome complet dans les zones de contact entre *M. agrestis* et *M. lavernedii*. Les résultats obtenus dans l'objectif 1 permettront d'identifier l'étendue de l'hybridation dans les zones de contact. Les résultats démographiques obtenus dans le l'objectif 2 serviront de modèle nul afin d'identifier les régions génomiques impliquées dans le processus d'hybridation. Nous évaluerons ses conséquences générales sur le « background » génomique, mettant en lumière les mécanismes régissant le processus de spéciation, nous caractériserons et quantifierons l'étendue de l'introgression adaptative, du fardeau d'hybridation, et des interactions négatives entre les gènes provenant des génomes parentaux.

**Les résultats fourniront des éléments sur le rôle des flux de gènes dans l'émergence et le maintien de lignées cryptiques ainsi que sur l'architecture génomique de la spéciation.**

**Financement** – Les principaux besoins financiers nécessaires à la réalisation des analyses de cette thèse sont déjà couverts puisque la plupart des rongeurs sont disponibles en collection au laboratoire Biogéosciences, et deux financements de fonctionnement sont acquis (AP EPHE et Transbio). Par ailleurs la plateforme GISMO (plateaux techniques Ecogen et MorphOptics) de l'UMR Biogéosciences et ses personnels possèdent les technologies moléculaires et morphométriques ainsi que les expertises nécessaires à la réalisation de ce

projet. Les besoins computationnels pourront s'appuyer sur l'architecture du cluster du DataCenter de l'Université de Bourgogne Europe.

### **Connaissances et compétences requises –**

Bonnes connaissances en biologie évolutive et génétique/génomique des populations, compétences en bioinformatique et en programmation appréciées.

### **Résumé en français (limité chacun à 1800 caractères)**

Le changement climatique global représente une menace majeure pour la biodiversité actuelle, et l'étude des réponses des espèces aux changements climatiques passés peut permettre de prédire leur réponse aux changements actuels. Les oscillations climatiques du Quaternaire ont eu un impact considérable sur la diversification des espèces. Certaines espèces, notamment chez les petits mammifères, ont connu des diversifications rapides et souvent cryptiques (i.e., sans modifications phénotypiques évidentes). Ces diversifications, appelées radiations non-adaptatives, n'ont pas conduit à une adaptation à des niches spécifiques mais ont abouti à des espèces généralement allopatriques occupant des niches similaires.

Le genre *Microtus*, un rongeur largement distribué en Eurasie, constitue un bon modèle pour étudier l'impact des changements climatiques sur la divergence des populations et la spéciation. Ce genre, qui présente plus de 65 complexes d'espèces, montre une grande richesse spécifique héritée des cycles glaciaires. Parmi les espèces étudiées, *Microtus agrestis*, *M. lavernedii* et *M. rozianus* définies comme des espèces sœurs présentent des zones de contact secondaire, offrant ainsi l'opportunité d'étudier les mécanismes de la divergence.

Le projet de thèse vise trois objectifs principaux. Le premier consiste à délimiter les frontières géographiques des espèces et leurs zones de contact à partir de données de séquences d'ADNmt. Le second objectif est d'explorer les histoires démographiques des populations, en utilisant des génomes complets pour comprendre les dynamiques de colonisation et les effets des cycles glaciaires. Enfin, le troisième objectif se concentre sur les contacts secondaires entre *M. agrestis* et *M. lavernedii*, en étudiant les conséquences génomiques de l'hybridation, notamment en ce qui concerne l'introgession et l'émergence de lignées cryptiques. Ces recherches devraient apporter des éclairages sur le rôle des flux de gènes dans l'émergence et le maintien de lignées cryptiques ainsi que sur l'architecture génomique de la spéciation.

### **Abstract**

Global climate change represents a major threat to current biodiversity, and studying species' responses to past climate changes can help predict their response to current changes. The climatic oscillations of the Quaternary had a significant impact on species diversification. Some species, particularly small mammals, experienced rapid and often cryptic diversifications (i.e., without obvious phenotypic changes). These diversifications, known as non-adaptive radiations, did not lead to adaptation to specific niches but resulted in generally allopatric species occupying similar niches.

The genus *Microtus*, a rodent widely distributed across Eurasia, is a good model for studying the impact of climate changes on population divergence and speciation. This genus, which includes more than 65 species complexes, shows a high species richness inherited from glacial cycles. Among the studied species, *Microtus agrestis*, *M. lavernedii*, and *M. rozianus*, defined as sister species, exhibit secondary contact zones, providing an opportunity to study the mechanisms of divergence.

The thesis project has three main objectives. The first is to delimit the geographic boundaries of the species and their contact zones using mitochondrial DNA sequence data. The second objective is to explore the demographic histories of populations, using whole genomes to understand colonization dynamics and the effects of glacial cycles. Finally, the third objective focuses on secondary contacts between *M. agrestis* and *M. lavernedii*, studying the genomic

consequences of hybridization, particularly regarding introgression and the emergence of cryptic lineages. This research aims to shed light on the role of gene flow in the emergence and maintenance of cryptic lineages, as well as on the genomic architecture of speciation.

**Préciser le domaine de compétence dans la liste ci-dessous (2 choix possibles maximum – ne pas modifier les intitulés : ils sont imposés par certains sites web) :**

Biologie

Ecologie, Environnement

**Mots clés :** Spéciation ; Hybridation ; Génomique ; Campagnol