

Compréhension des mécanismes impliqués dans la réponse évolutive de populations (*Caenorhabditis elegans*) exposées à des rayonnements ionisants.

Les changements environnementaux, tels qu'une radiocontamination d'un écosystème suite par exemple à un accident nucléaire majeur, s'accompagnent de nouvelles pressions de sélection sur les populations naturelles. Ces pressions peuvent se traduire par un déclin démographique brutal, qui, s'il n'est pas accompagné d'une réponse adaptative efficace des populations, conduit à leur extinction. Au fil des générations, le tri par la sélection naturelle modifie les caractéristiques phénotypiques, génétiques et épigénétiques de ces populations; ce qui peut conduire à une augmentation de la tolérance au contaminant. Dans ce cas seulement, la population a des chances de se rétablir démographiquement et de persister ; un phénomène appelé rescousse évolutive. Dans une démarche d'évaluation des risques écologiques, il ne suffit donc plus d'étudier les effets immédiats de divers contaminants/stresseurs sur les organismes vivants. Il est également nécessaire de développer nos connaissances sur le potentiel d'évolution des populations en milieu contaminé, et les conséquences de ces changements évolutifs rapides sur le maintien à long terme des populations.

Dans ce contexte, l'objectif général de ce projet est d'étudier en condition expérimentale les réponses évolutives de populations de *Caenorhabditis elegans* exposée de manière chronique à des débits de doses (rayonnement gamma) ayant un réalisme environnemental et pendant plusieurs générations. Plus précisément, l'objectif premier est de pouvoir établir le lien entre les changements phénotypiques sur les traits d'histoire de vie qui seront mesurés au fil des générations et les changements au niveau des gènes et de leurs expressions.

Une approche d'évolution expérimentale sera mise en œuvre à l'aide d'un modèle animal particulièrement adapté pour ce type d'expérience, le nématode *C. elegans* (cycle de vie de 3 jours, génome séquencé...) et l'irradiateur gamma Micado de l'IRSN. Plusieurs traits d'histoire de vie seront mesurés au fil des générations (taille des individus, comportement...). Des méthodes et des outils de biologie moléculaire (séquençage à haut débit, changements génétiques de type SNPs et indels, QTL, mRNaseq) et de génétiques quantitatives (translocation réciproque, jardin commun, analyses statistiques) seront également appliqués pour atteindre les objectifs. L'intégration des résultats de transcriptomique et de génomique via une stratégie de biologie des systèmes, et l'aspect dynamique de ce projet, permettront de suivre la ségrégation des mutations au fil de plusieurs générations ainsi que leurs effets phénotypiques potentiels, afin d'évaluer leur importance dans les mécanismes d'adaptation. Il sera possible de lier certains gènes à leur fonction cellulaire (e.g. métabolisme, endocrine, neurotransmetteurs), puis de mesurer les traits phénotypiques (traits d'histoire de vie, comportements, morphologie) en lien avec les variants génétiques observés. Il sera également possible d'intégrer des données d'épigénétiques afin de faire la relation entre les traits héréditaires, les niveaux d'expression des gènes et leur régulation transcriptionnelle (méthylation de l'ADN).

Au final, en intégrant l'ensemble de ces approches, il sera possible d'estimer le potentiel évolutif d'une population, telle que *C. elegans*, soumise à des rayonnements ionisants et de mieux comprendre les mécanismes sous-jacents impliqués dans cette réponse.

Conditions : ce doctorat d'une durée de 3 ans sera essentiellement réalisé au Laboratoire d'écotoxicologie des radionucléides (LECO) de l'Institut de Radioprotection et de Sécurité Nucléaire (IRSN), situé à Cadarache (dans le sud de la France : à 30 min d'Aix-en-Provence, Manosque ; 1 h de Marseille). Le montant du contrat doctoral alloué par l'IRSN est de l'ordre de 2040 € bruts mensuels pendant les deux premières années et de 2090 € bruts mensuels la

troisième année. L'étudiant-e au doctorat sera co-dirigé par 4 chercheurs qui apporteront leurs compétences dans les différents domaines abordés dans ce projet de doctorat. En particulier, (i) en génétique évolutive expérimentale, évolution théorique, génétique des populations (marqueurs moléculaires), modèle *C. elegans* : Pr. Henrique Teotónio (Institut de Biologie de l'École Normale Supérieure); (ii) en écologie évolutive, génétique quantitative, comportement : Pr. Denis Réale (Département des Sciences Biologiques, Université du Québec à Montréal, Canada), (iii) en écotoxicologie, radioécologie, biologie évolutive : Dr. Jean-Marc Bonzom (IRSN/PSE-ENV/SRTE, Laboratoire d'Ecotoxicologie des Radionucléides), (iv) en biologie moléculaire, omics, bio-informatique, radioécologie : Dr. Olivier Armant, (IRSN/PSE-ENV/SRTE, Laboratoire d'Ecotoxicologie des Radionucléides).

Profil du candidat : Master 2 (ou équivalent) en biologie. Un bon dossier académique est demandé. L'étudiant-e aura au moins des compétences dans un ou plusieurs des domaines suivants : biologie évolutive expérimentale, génétique des populations, biologie moléculaire, génétique quantitative, expérimentation sur *Caenorhabditis elegans*. Une forte motivation pour la recherche et de bonnes aptitudes au travail de laboratoire sont indispensables. Esprit d'initiative, créativité, curiosité, rigueur et persévérance. Excellentes capacités de rédaction, maîtrise écrite et orale de l'anglais.

Pour candidater ou pour toutes questions : contacter par email, avant la fin avril 2018, Jean-Marc Bonzom : jean-marc.bonzom@irsn.fr
Faire parvenir une courte lettre de motivation (1 page maximum) et un CV.

Quelques publications des encadrants en lien avec le projet :

- Dey S., Proulx S.R., **Teotónio H.** (2016) Adaptation to temporally fluctuating environments by the evolution of maternal effects. *PLoS Biol* 14(2): e1002388.
- Dutilleul M., **Bonzom J-M.**, Lecomte C., Goussen B., Daian F., Galas S., **Réale D.** (2014). Rapid evolutionary responses of life history traits to different experimentally-induced pollutions in *Caenorhabditis elegans*. *BMC Evolutionary Biology*, 14:252.
- Dutilleul M., Goussen B., **Bonzom J-M.**, Galas S., **Réale D.** (2015). Pollution breaks down the genetic architecture of life history traits in *Caenorhabditis elegans*. *PLoS ONE*, 10 (4): e0116214.
- Dutilleul M., **Réale D.**, Goussen B., Lecomte C., Galas S., **Bonzom J-M.** (2017). Adaptation costs to constant and alternating polluted environments. *Evolutionary Application*, 10(8), pp. 839-851. doi: 10.1111/eva.12510.
- Noble L., Chelo I; Guzella T., Afonso B., Riccardi D., Ammerman P., Pino-Querido A., Carvalho S., Crist A., Dayarian A., Shraiman B., Rockman M., **Teotónio H.** 2017. Polygenicity and epistasis underlie fitness-proximal traits in the *Caenorhabditis elegans* multiparental experimental evolution (CeMEE) panel. *Genetics*, 207 (4), pp. 1663-1685.
- Teotónio H.**, Estes S., Phillips P.C., Baer C.F. (2017) Experimental Evolution with *Caenorhabditis* Nematodes. *Genetics* 206: 691-716.
- Yu Z., **O. Armant**, R. Fischer (2016). Fungi use the Saka (HogA) pathway for phytochrome-dependent light signalling. *Nature microbiology* : 16019.