

PROPOSITION D'UN PROJET DE THÈSE A L'ÉCOLE DOCTORALE

« Végétal, Animal, Aliment, Mer, Environnement »

INFORMATIONS GÉNÉRALES

Titre de la thèse : Divergences et hybridations dans le complexe de populations de Ventul	ria
inaequalis	

Acronyme: DivHyb

Discipline de recherche 1 : biologie évolutive

Discipline de recherche 2 : génomique des populations

Trois mots-clés :

génomique des populations (population genomics)

Hybridation (hybridization)

Traits d'histoire de vie (life history traits)

Etablissement d'inscription : Université d'Angers

Unité d'accueil : IRHS UMR 1345 UA, INRAE, IA RA

Nom, prénom du directeur·rice de thèse (HDR indispensable) : LEMAIRE Christophe, MCU HDR

Adresse courriel: christophe.lemaire@univ-angers.fr

Nom, prénom du co-directeur-rice (le cas échéant) (HDR indispensable) :

Adresse courriel:

Nom, prénom du co-encadrant e de thèse 1 (le cas échéant) :

Adresse courriel:

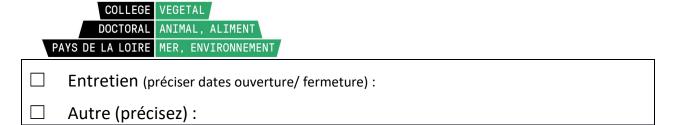
Nom, prénom du co-encadrant e de thèse 1 (le cas échéant) :

Adresse courriel:

Contact(s) (adresse postale): irhs equipe Ecofun, 42 rue G. Morel 49075 beaucouzé

Mode de recrutement (cf. Guide du recrutement)

Le mode de recrutement du de la doctorante dépend de la nature du financement du projet de thèse.





DESCRIPTION SCIENTIFIQUE DU PROJET DE THÈSE

Contexte socio-économique et scientifique : (10 lignes)

Si le pommier est la culture la plus traitée en France, c'est en raison de l'ascomycète Venturia inaequalis, responsable de la tavelure dont les symptômes se caractérisent par des taches brunes sur les fruits et feuilles. Sachant que la présence de taches sur fruits est interdite dans les circuits de distribution, les producteurs de pomme doivent traiter leur verger 25 fois par an en moyenne. Le fait que la majorité des variétés plantées soient sensibles à cette maladie contribue pour beaucoup à la forte dépendance des producteurs de pommes aux pesticides. La génétique est le levier le plus prometteur pour lutter contre cette maladie, il est toutefois nécessaire de bien caractériser populations pathogènes de *V. inaequalis* connues pour leur grande adaptabilité. Six populations plus ou moins divergents ont été identifiées au sein de cette espèce. Elles se caractérisent par leur origine (habitat sauvage ou cultivé), leur spécificité d'hôte (pommier ou pyracantha) et leur virulence. Récemment, il a été démontré que l'habitat non cultivé pouvait servir de réservoir de virulence vis-à-vis des variétés de pommier résistantes nouvellement mises sur le marché, il donc est essentiel d'être capable de bien évaluer les flux de gènes entre les différentes populations hébergées par ces différents hôtes dans le contexte du développement d'une agriculture durable moins gourmandes en pesticides.

Hypothèses et questions scientifiques (8 lignes)

La capacité à s'hybrider pour deux populations divergentes est inversement proportionnelle à leur temps de divergence. Au cours de cette thèse nous nous proposons d'évaluer cette hypothèse. Nous estimerons le temps de divergence ainsi que le flux de gènes entre 3 paires de populations du champignon ascomycète *Venturia inaequalis*. Il est important de savoir si les hybrides sont affectés dans leur fitness et comment ils le sont. Est-ce que des zones génomique particulières sont responsables de la dépression hybride?

Principales étapes de la thèse et démarche (10-12 lignes)

- 1- Estimation des scénarios démographiques (temps de divergence, taille des populations, taux de migrants ...) entre les 6 populations du champignon V. inaequalis
- 2- Evaluation des niveaux de divergence entre les populations, potentialité d'hybridation et conséquences sur la fitness des hybrides
- 3- Identification des zones génomiques affectées par la sélection naturelles (adaptation à l'hôte)
- 4- Hybridation et conséquences, biais de ségrégation, recherche de QTLs, Recherche d'incompatibilité

Approches méthodologiques et techniques envisagées (4-6 lignes)

Divergence Le doctorant disposera de 100 génomes pour étudier les temps de divergence entre les 6 populations et de données de 60 individus génotypés par puce SNP 70K. Utilisation de méthodes d'inférence démographiques, ABC, dadi, MMC ...)

Hybridation Le doctorant disposera de 79 génomes d'hybrides naturels et de 120 génomes d'hybrides obtenus *in vitro*. Techniques GWAS, Méthode de local ancestry, analyses de clines génomiques (Bgc), comparaison de caractères

Compétences scientifiques et techniques requises pour le candidat



Nom de l'unité d'accueil :IRHS	Nom de l'équipe d'accueil :ECOFUN	
Nom du·de la directeur·rice de l'unité :	Nom du·de la responsable de l'équipe :	
Marie- Agnès Jacques	Bruno Le Cam	
Coordonnées du·de la directeur·rice de l'unité :	Coordonnées du·de la responsable de l'équipe :	
IRHS , 42 rue G. Morel 49071 Beaucouzé	IRHS Equipe Ecofun, 42 rue G. Morel 49071 Beaucouzé	
Directeur·rice de thèse		
Nom, prénom : Lemaire Christophe		
Fonction : MCU HDR		
Date d'obtention de l'HDR : Novembre 2014		
Employeur: Université d'Angers		
Taux d'encadrement doctoral dans le présent sujet : 100%		
Taux d'encadrement doctoral en cours (directions et co-directions) (%) : 0%		
Nombre de directions/co-directions de thèse er	n cours : 0	
Co-directeur·rice (le cas échéant)		
Nom, prénom :		
Fonction:		
Date d'obtention de l'HDR :		
Employeur :		
École doctorale de rattachement :		
Taux d'encadrement doctoral dans le présent projet :		
Taux d'encadrement doctoral en cours (directio	ns/co-directions/co-encadrements) (%):	
Nombre de directions/co-directions/co-encadre	ements de thèse en cours :	
Co-encadrant·e de thèse 1 (le cas échéant)		
Nom, prénom :		
Fonction:		
Titulaire de l'HDR : □ oui □ non Si oui, date d'obtention de l'HDR :		
Employeur :		
École doctorale de rattachement :		



Taux d'encadrement doctoral dans le présent projet :			
Taux d'encadrement doctoral en cours (directions/co-directions/co-encadrements) (%) :			
Nombre de directions/co-directions/co-encadrements de thèse en cours :			
Co-encadrant·e de thèse 2 (le cas échéant)			
Nom, prénom :			
Fonction:			
Titulaire de l'HDR : □ oui □ non Si oui, date d'obtention de l'HDR :			
Employeur:			
École doctorale de rattachement :			
Taux d'encadrement doctoral dans le présent projet :			
Taux d'encadrement doctoral en cours (directions/co-directions/co-encadrements) (%) :			
Nombre de directions/co-directions/co-encadrements de thèse en cours :			
Partenaire privé (si financement CIFRE, privé,)			
Nom, prénom :			
Fonction:			
Entreprise:			
Taux d'encadrement doctoral dans le présent projet :			
Taux d'encadrement doctoral en cours (directions/co-directions/co-encadrements) (%) :			
Nombre de directions/co-directions/co-encadrements de thèse en cours :			
Partenaire international (si thèse en co-tutelle)			
Nom, prénom :			
Fonction:			
Employeur:			
Taux d'encadrement doctoral dans le présent projet :			
Taux d'encadrement doctoral en cours (directions/co-directions/co-encadrements) (%) :			
Nombre de directions/co-directions/co-encadrements de thèse en cours :			
Devenir des anciens doctorants du·de la directeur·rice et co-directeur(s)/co-encadrant(s) de thèse (depuis 5 ans)			
Compléter les informations suivantes pour <u>chaque</u> ancien doctorant			
Nom, prénom : Guitton Ellen			
Date de début et de fin de thèse : octobre 2016-mai 2020			
Direction de thèse : C.Lemaire			
Emploi actuel, lieu : En formation			



Contrat (post-doc, CDD, CDI):

Liste des publications issues de ce travail de thèse :

Feurtey, A., Guitton, E., de Gracia Coquerel, M., Duvaux, L., Shiller, J., Bellanger, M. N., ... & Lemaire, C. (2020). Threat to Asian wild apple trees posed by gene flow from domesticated apple trees and their "pestified" pathogens. *Molecular Ecology*, 29(24), 4925-4941.

Publications majeures des 5 dernières années du de la directeur rice de thèse et codirecteur(s)/co-encadrant(s) sur le sujet de thèse :

- 1- Feurtey, A., Guitton, E., de Gracia Coquerel, M., Duvaux, L., Shiller, J., Bellanger, M. N., ... & Lemaire, C. (2020). Threat to Asian wild apple trees posed by gene flow from domesticated apple trees and their "pestified" pathogens. *Molecular Ecology*, 29(24), 4925-4941.
- 2- Le Cam, B., Sargent, D., Gouzy, J., Amselem, J., Bellanger, M. N., Bouchez, O., ... & Lemaire, C. (2019). Population genome sequencing of the scab fungal species *Venturia inaequalis*, *Venturia pirina*, *Venturia aucupariae* and *Venturia asperata*. *G3*: *Genes*, *Genomes*, *Genetics*, 9(8), 2405-2414.



FINANCEMENT DE LA THÈSE

Origine(s) du financement de la thèse :

ED VAAME

Salaire brut mensuel : 2 100.00 € (2024) ; 2 200.00 € (2025) ; 2 300.00 € (2026)

État du financement de la thèse : Non acquis

Date du début/durée du financement de la thèse

: 01/11/2024 pour 3 ans

Date: 21/03/2024

Nom, signature du de la directeur rice d'unité : Marie-Agnès Jacques

Nom, signature du de la responsable de l'équipe : Bruno Le Cam

Nom, signature du de la directeur rice de thèse : Christophe Lemaire

Toutes les rubriques de ce document doivent être remplies.

Une fois complété, merci d'enregistrer ce document au format <u>PDF</u> avec le nom suivant : Nom du Directeur thèse_Unité_Acronyme du sujet_FR.pdf



Transmettre également la version <u>Word</u> pour faciliter la remise en page si besoin (vous pouvez supprimez les lignes inutiles).

Documents à transmettre à : <u>ed-vaame@doctorat-paysdelaloire.fr</u>