

Divergence allochronique et expansion géographique chez la chenille processionnaire du pin : conséquences génomiques, en particulier sur le fardeau génétique

Tanguy Muller

27 Mars 2026

Direction

Charles Perrier, Carole Kerdelhué, Mathieu Gautier

Jury

Claire Mérot Chargée de recherche (CNRS) Rapportrice

Marie-Anne Auger-Rozenberg, Directrice de recherche (INRAE), Rapportrice

Pierre-Alexandre Gagnaire, Directeur de recherche (CNRS), Examineur

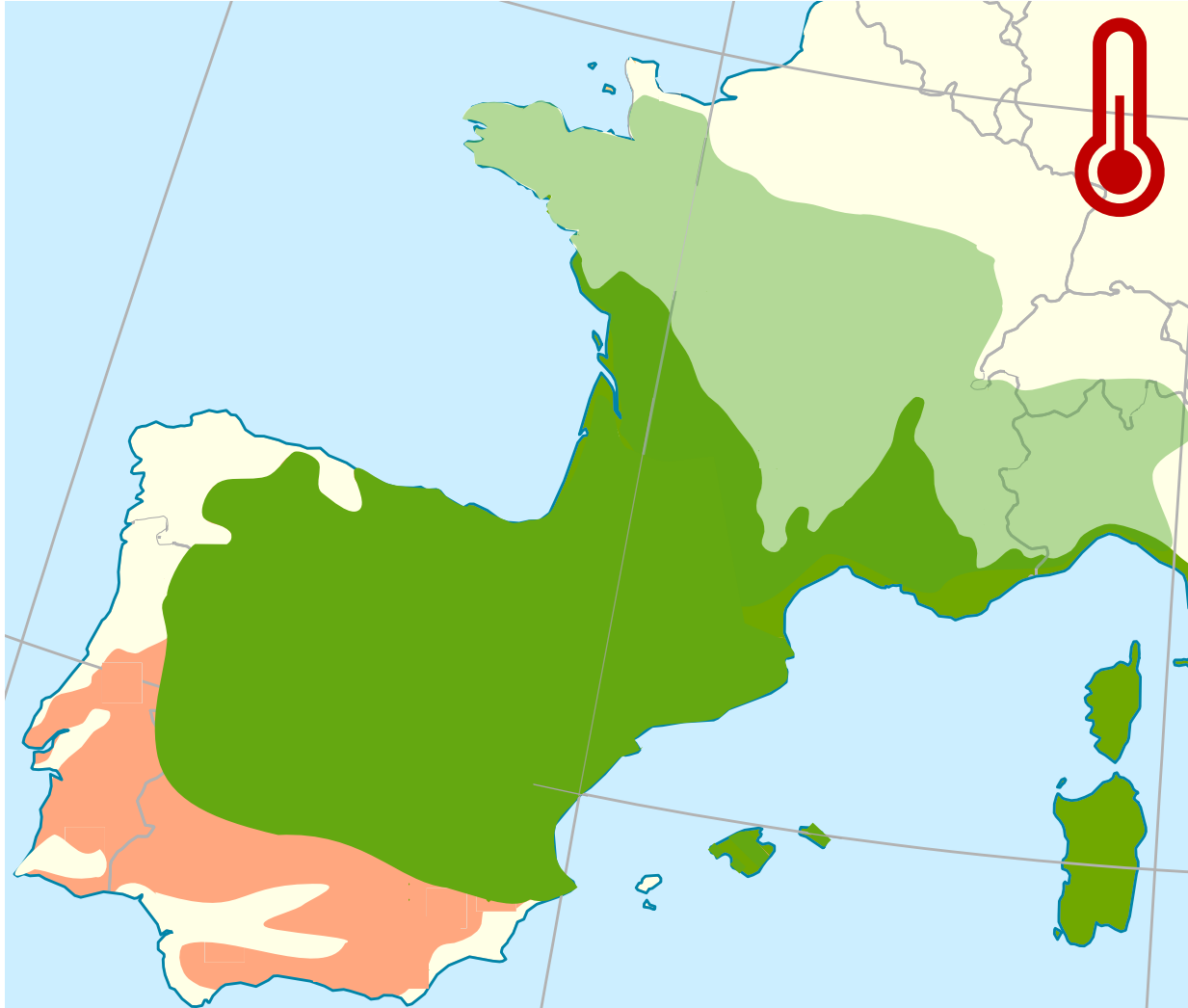
Marie-Pierre Chapuis, Chargée de recherche (CIRAD), Examinatrice



Contexte général : changements d'aires de distribution

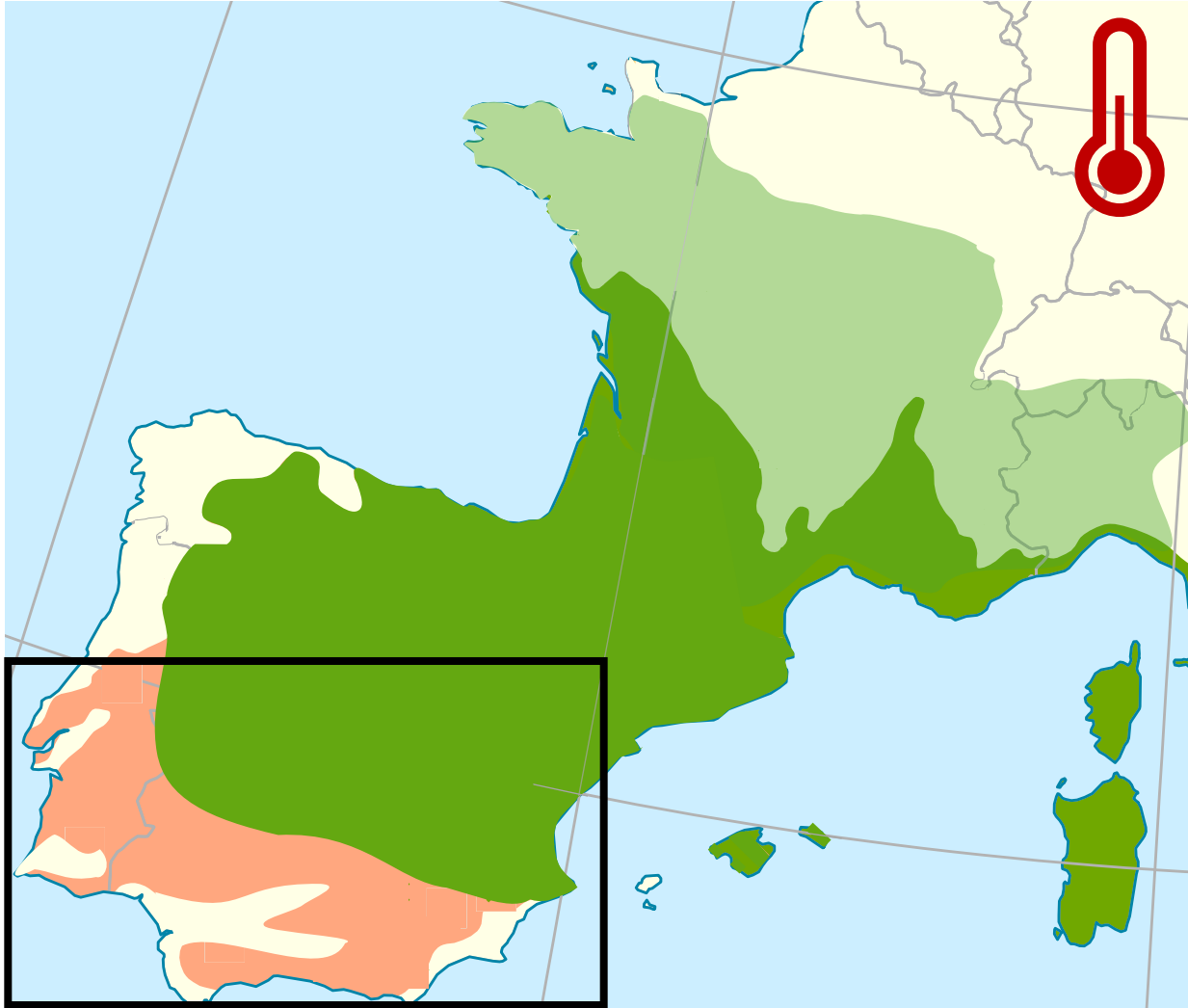


Contexte général : changements d'aires de distribution



-> Les changements climatiques affectent les aires de distribution des espèces

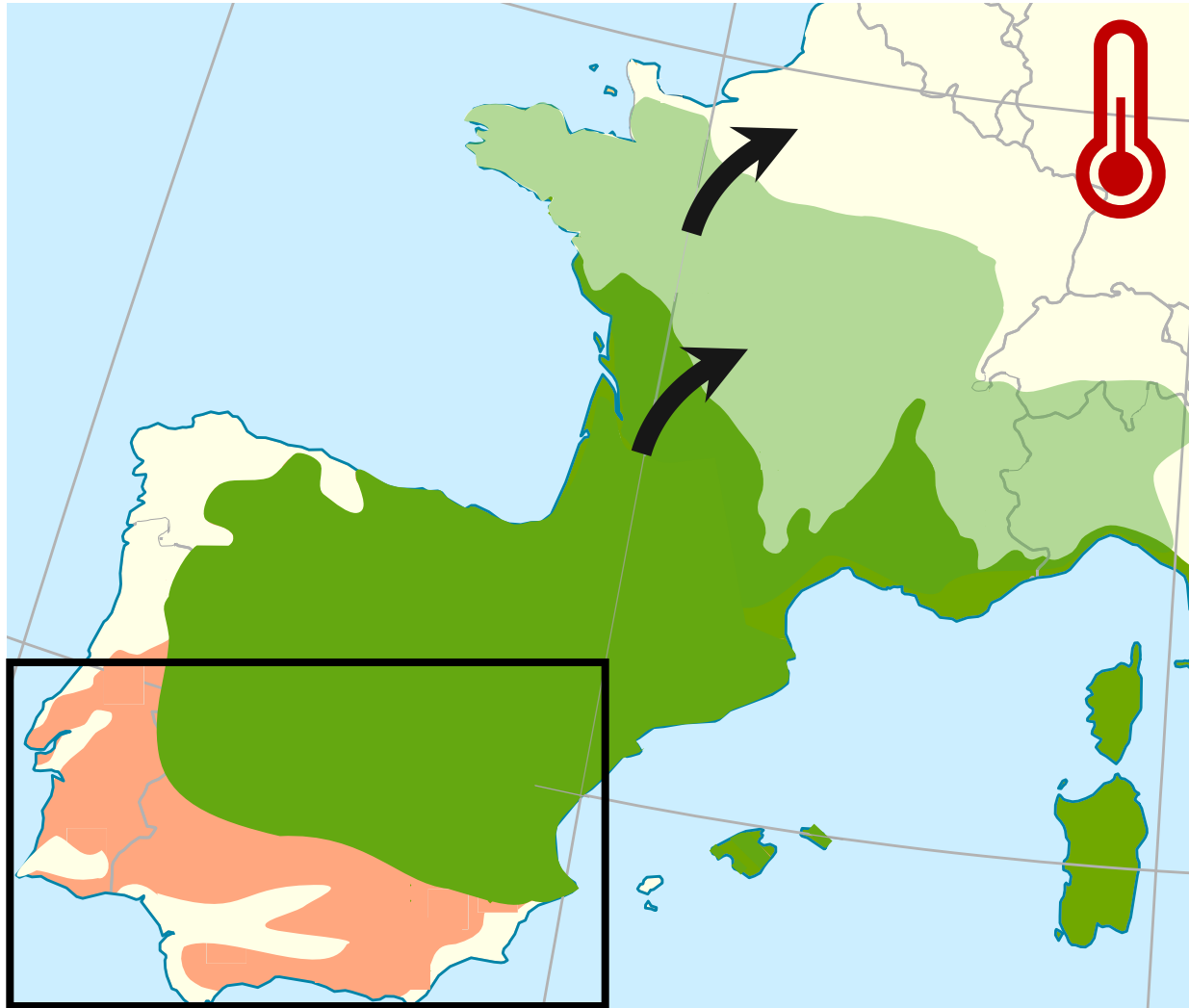
Contexte général : changements d'aires de distribution



-> Les changements climatiques affectent les aires de distribution des espèces

- Au sud
 - Contractions
 - Baisse de connectivité des populations
 - Décroissance démographique
 - Goulots d'étranglement

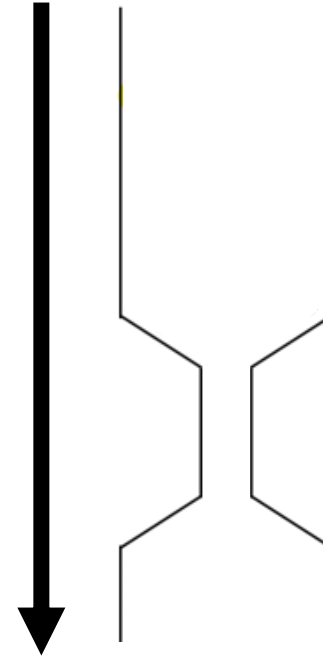
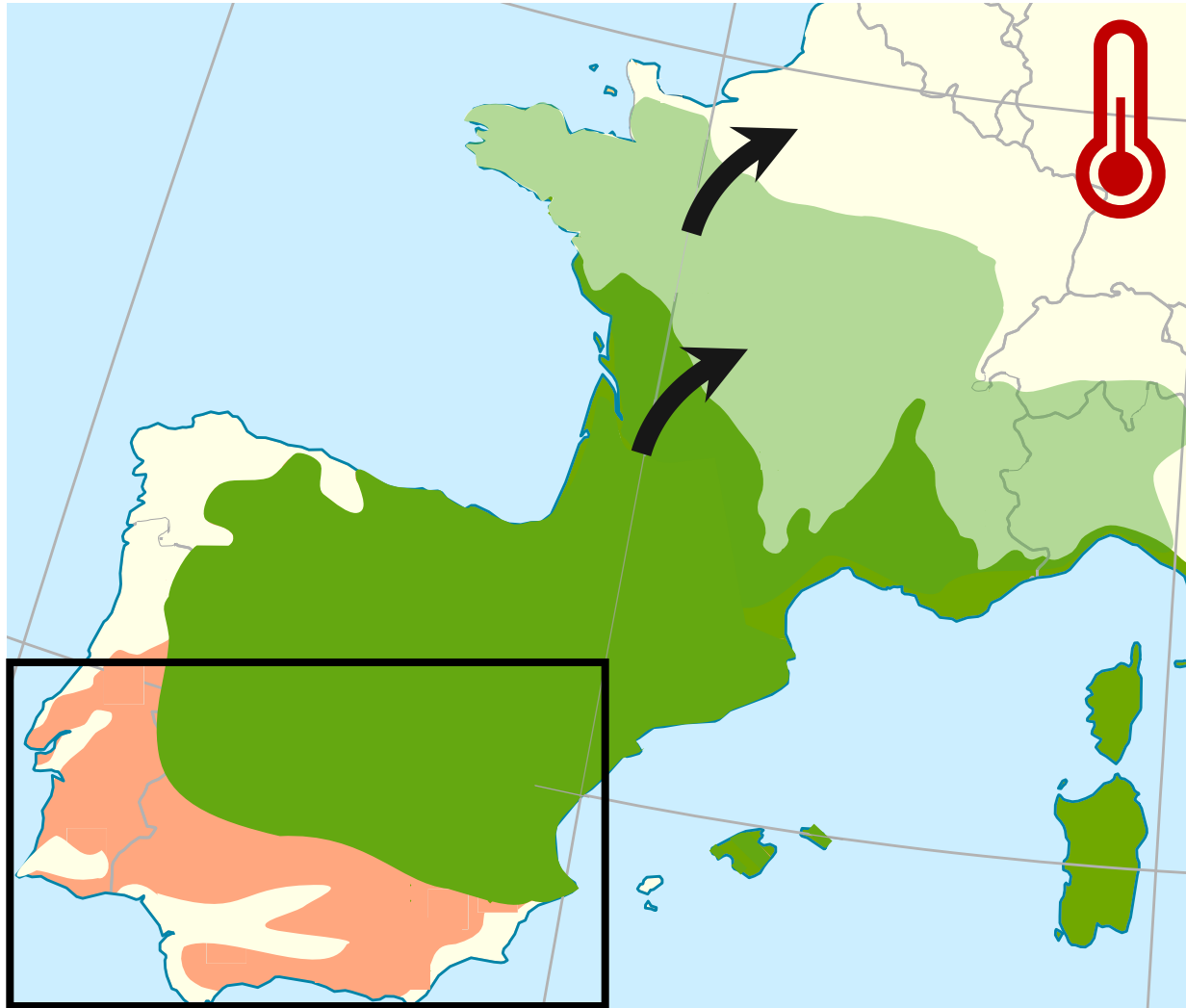
Contexte général : changements d'aires de distribution



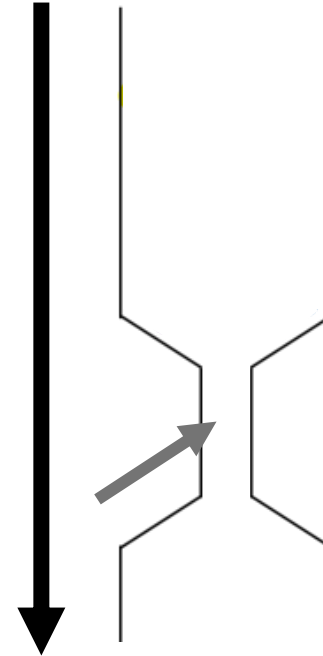
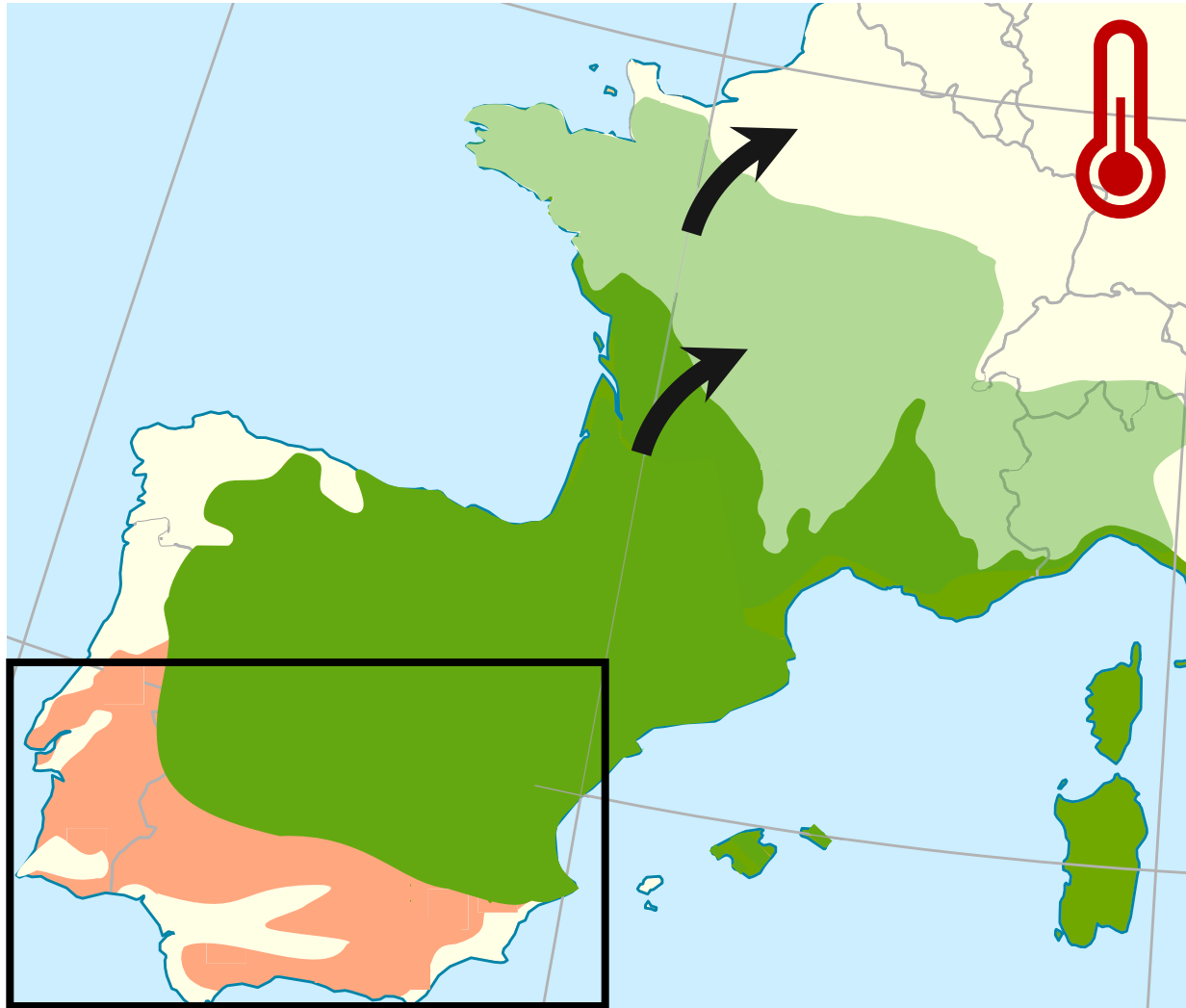
-> Les changements climatiques affectent les aires de distribution des espèces

- Au nord
 - Expansions
 - Effets fondateurs successifs
 - Croissance démographique rapide
 - Goulots d'étranglement
- Au sud
 - Contractions
 - Baisse de connectivité des populations
 - Décroissance démographique
 - Goulots d'étranglement

Conséquences génomiques aux marges

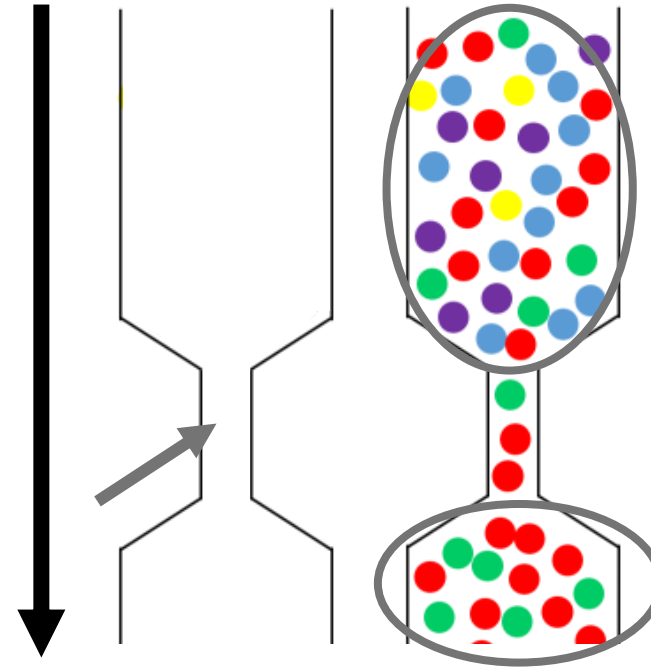
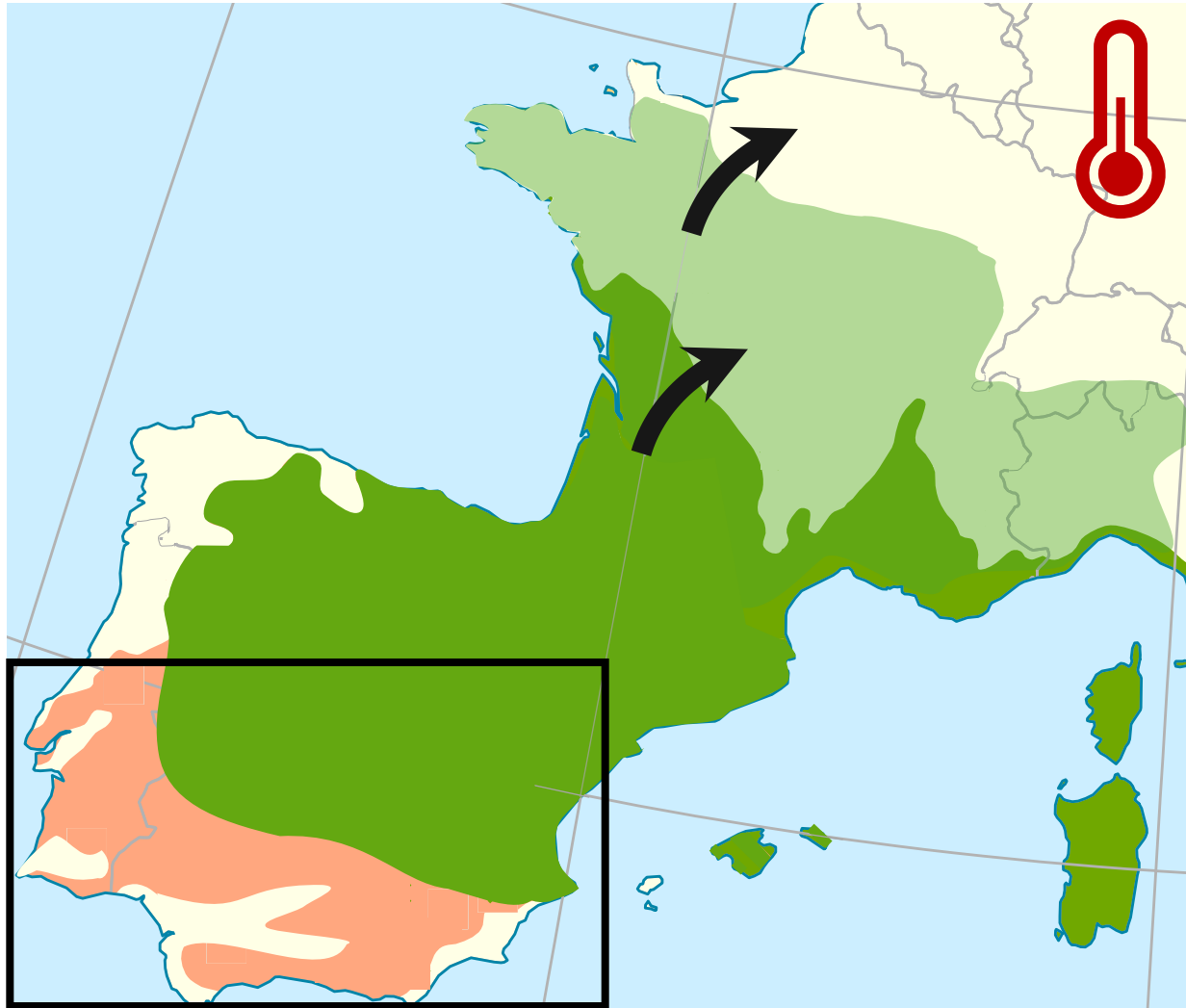


Conséquences génomiques aux marges



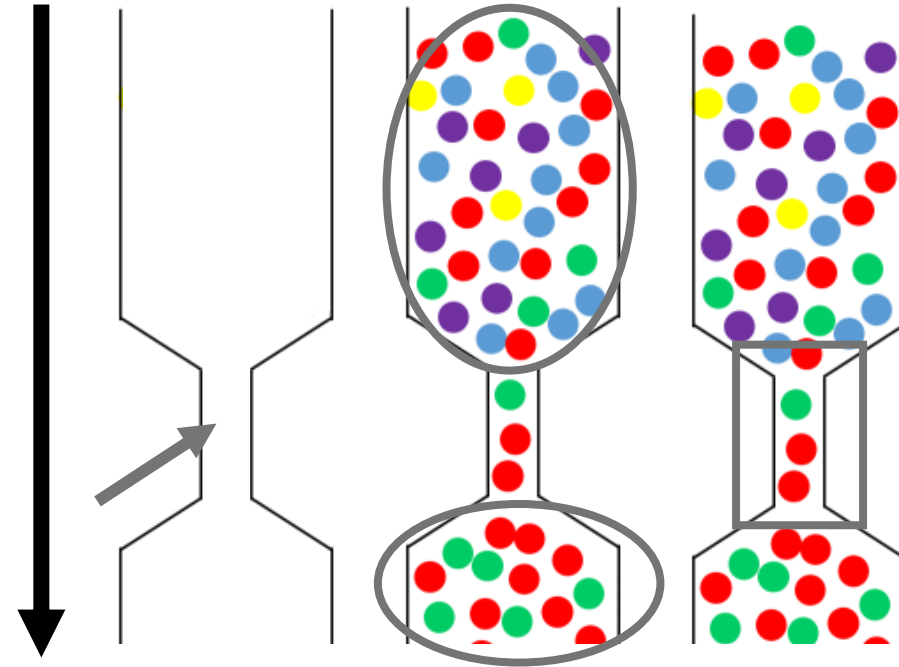
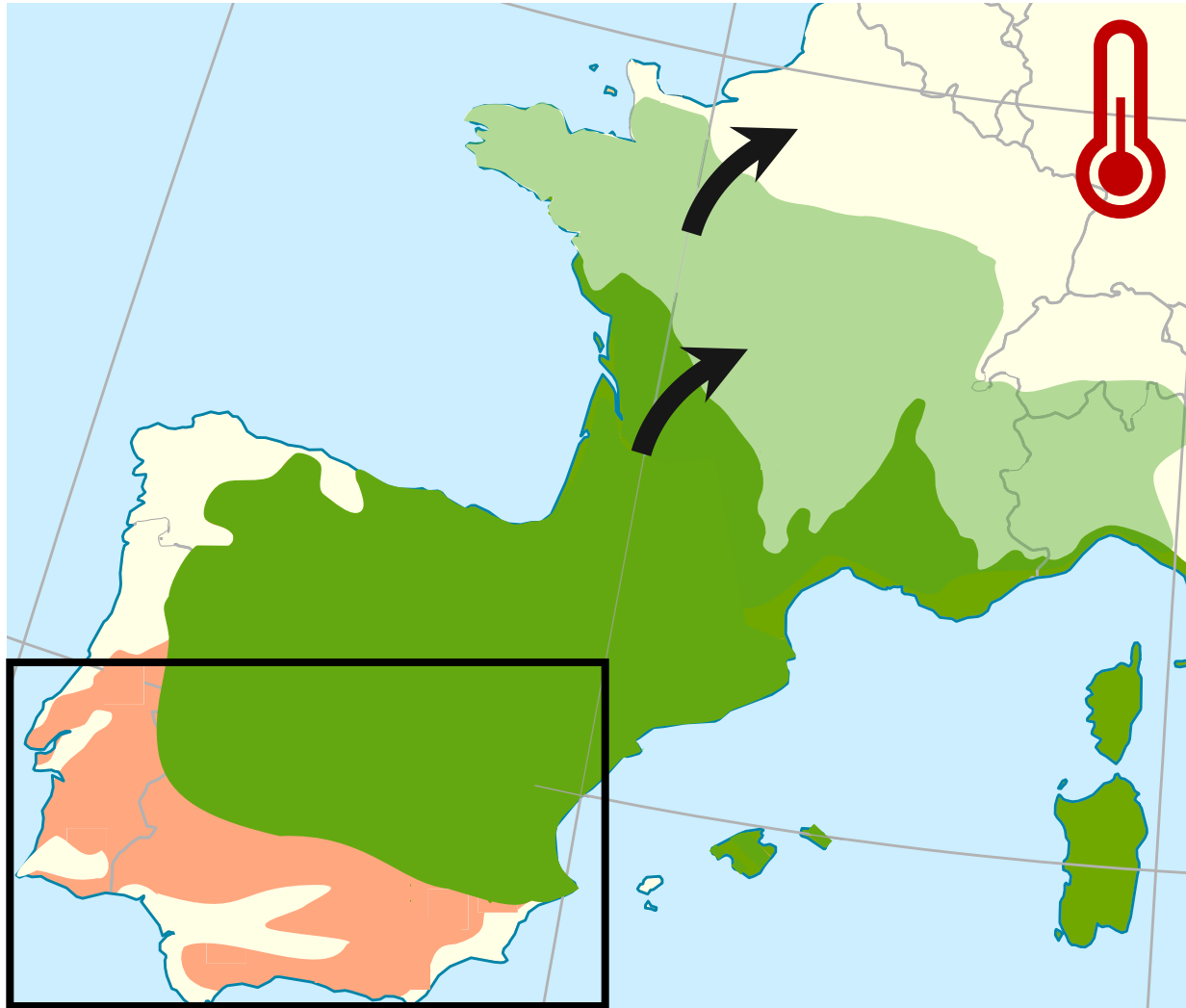
➤ *Diminution de taille efficace (N_e) ?*

Conséquences génomiques aux marges



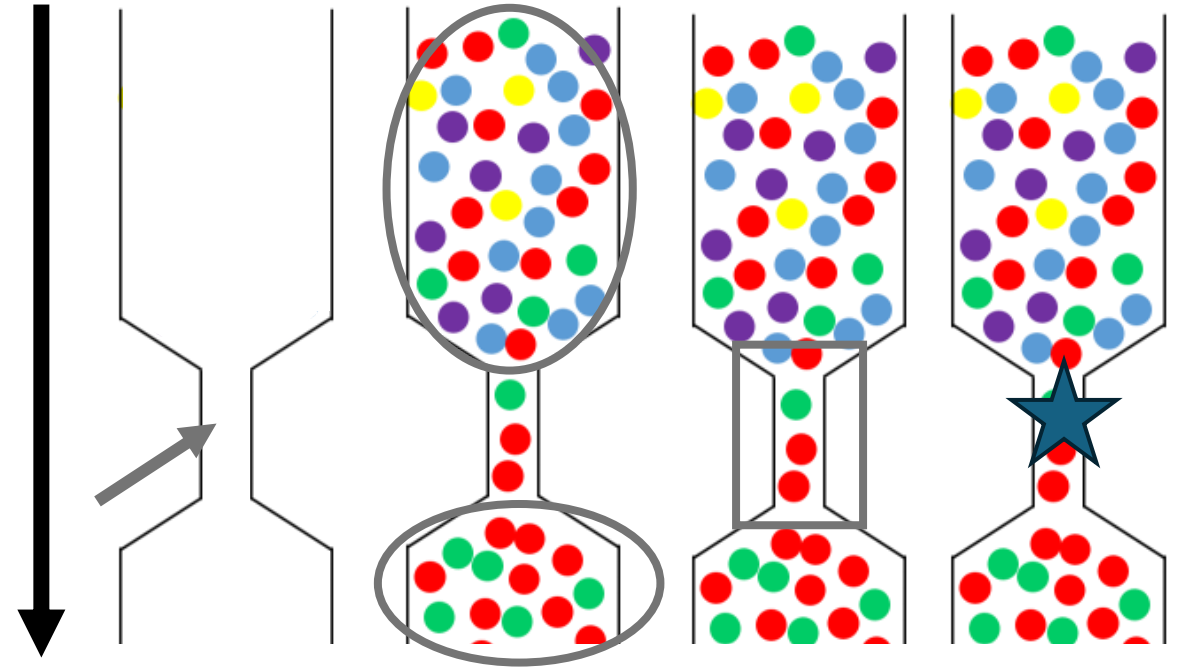
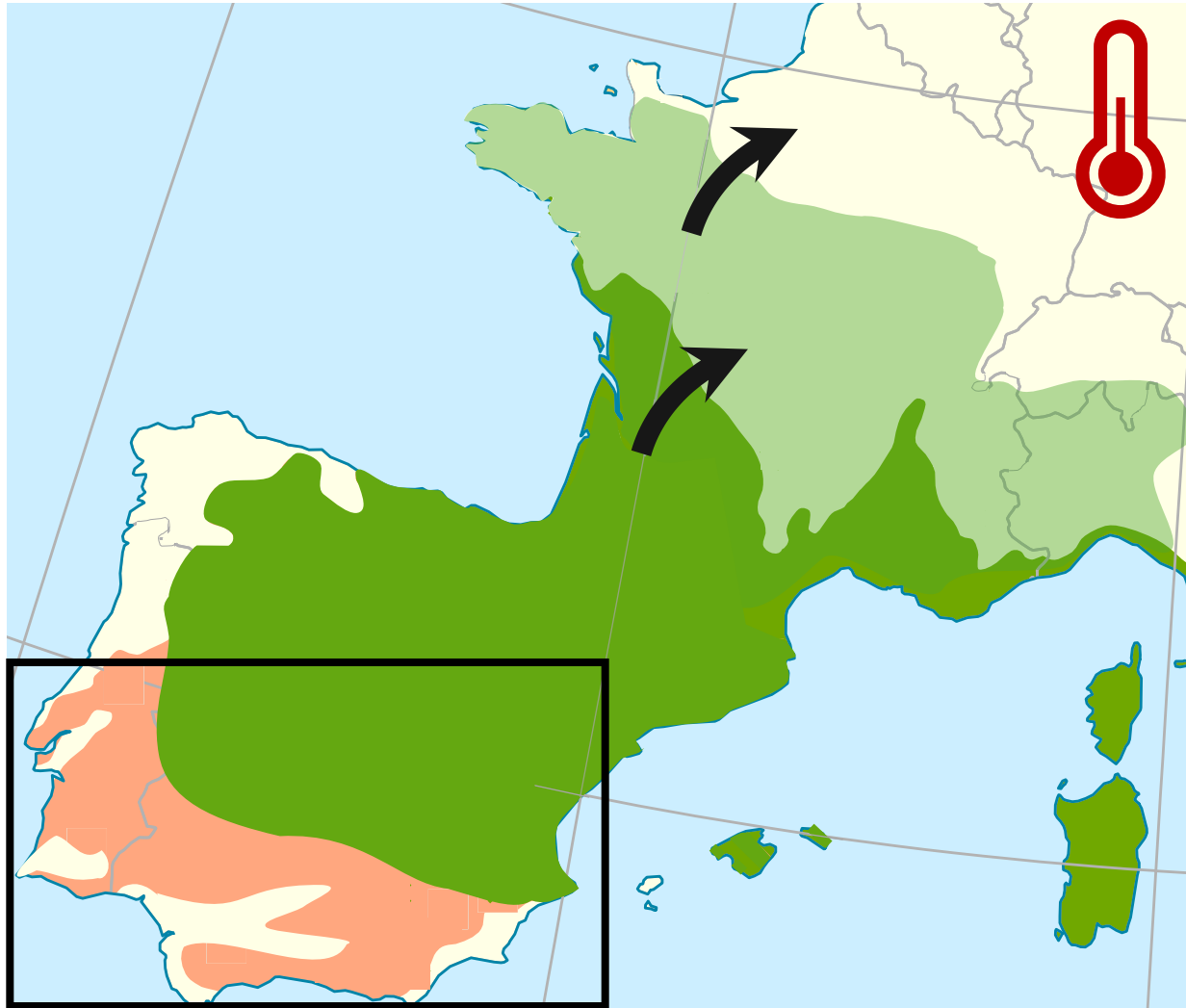
- Diminution de taille efficace (N_e) ?
- Diminution de diversité génétique ?

Conséquences génomiques aux marges



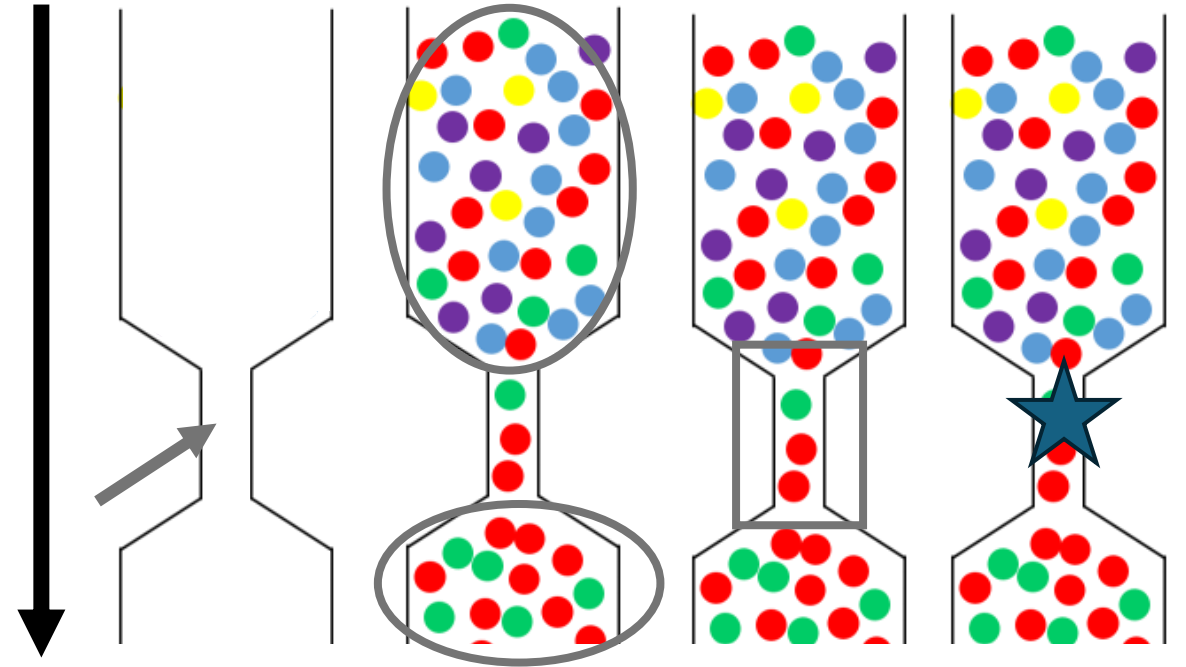
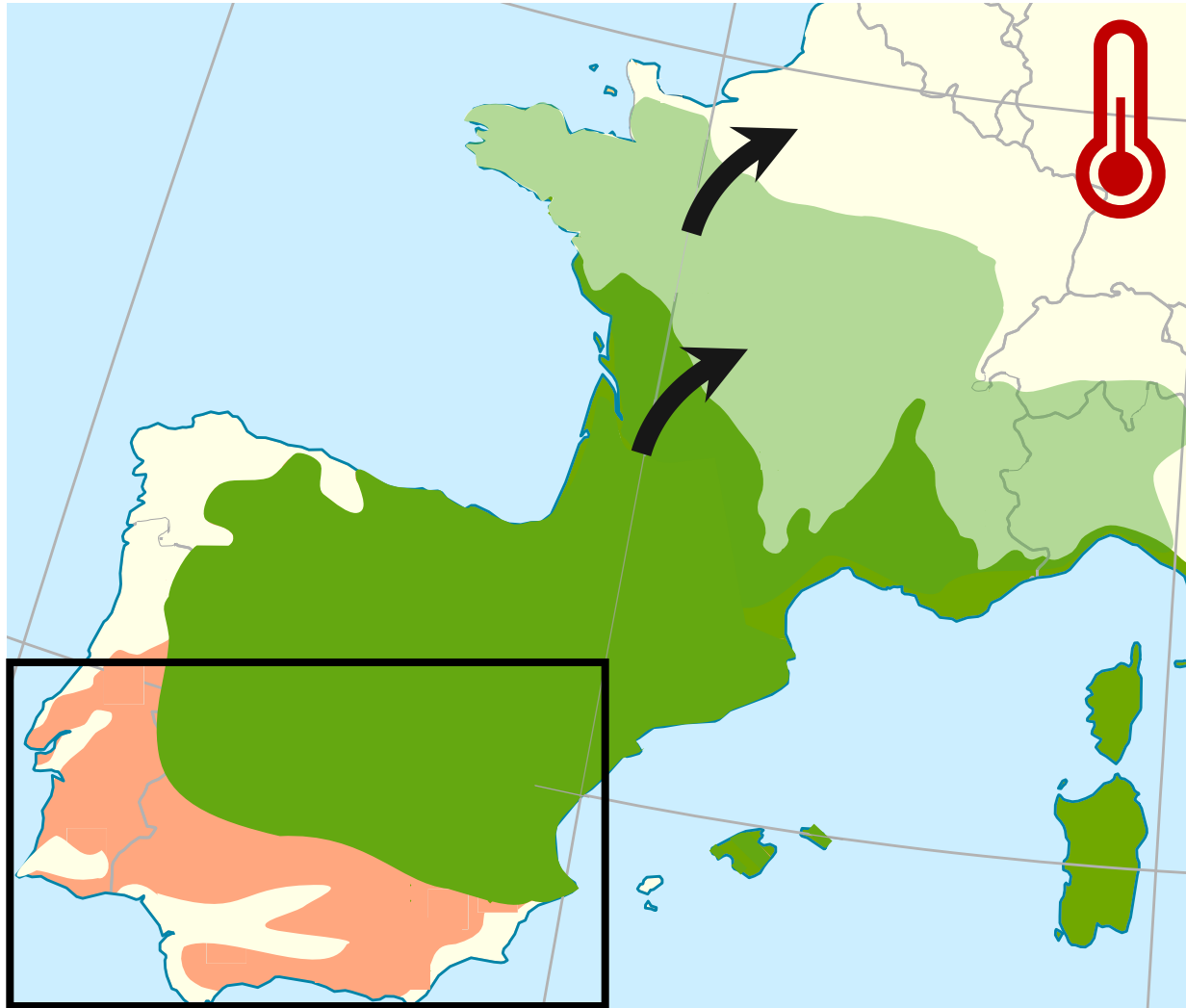
- Diminution de taille efficace (N_e) ?
- Diminution de diversité génétique ?
- Hausse de consanguinité ?

Conséquences génomiques aux marges



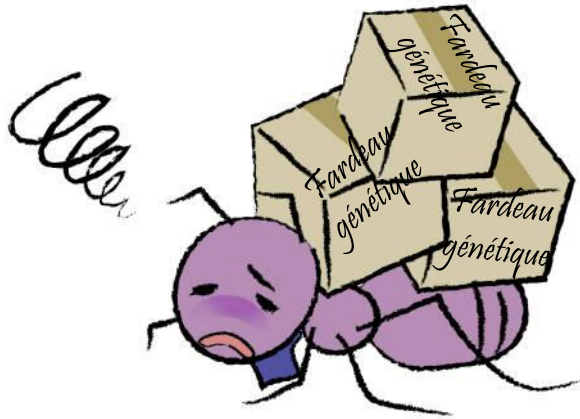
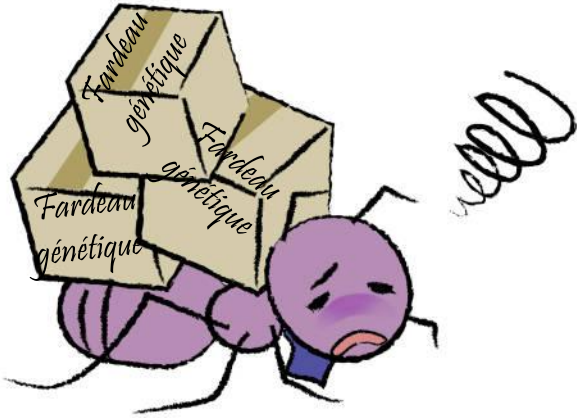
- Diminution de taille efficace (N_e) ?
- Diminution de diversité génétique ?
- Hausse de consanguinité ?
- Accumulation/purge de mutations délétères qui composent le fardeau génétique ?

Conséquences génomiques aux marges



- Diminution de taille efficace (N_e) ?
- Diminution de diversité génétique ?
- Hausse de consanguinité ?
- **Accumulation/purge de mutations délétères qui composent le fardeau génétique ?**

Fardeau génétique de mutations délétères

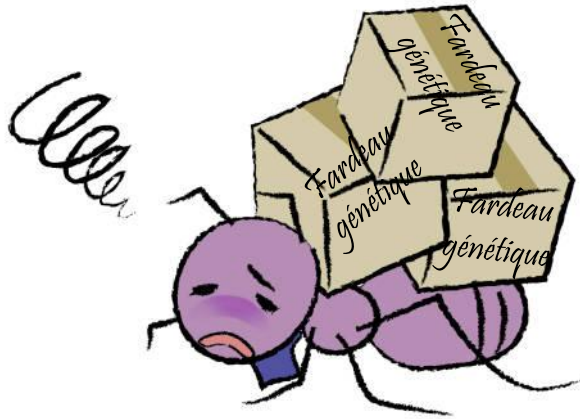
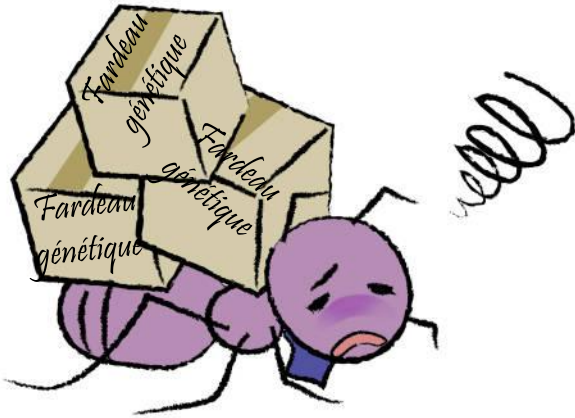


Fardeau génétique de mutations délétères

Définition du fardeau génétique par Muller en 1950 :

Diminution de la **valeur sélective** moyenne d'une population,
due à l'**accumulation de mutations délétères**,
par rapport à celle qui serait observée s'il n'y avait aucune mutation délétère

$$L = 1 - \bar{W}$$



Fardeau génétique de mutations délétères

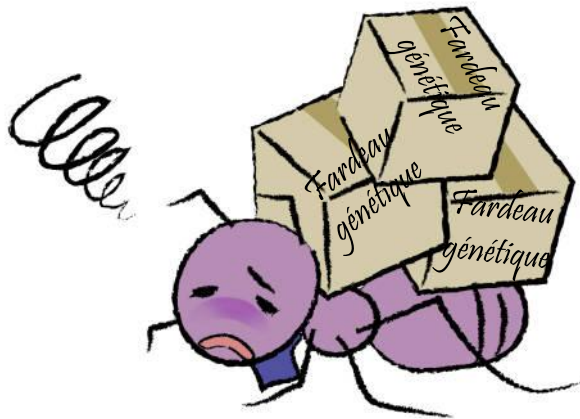
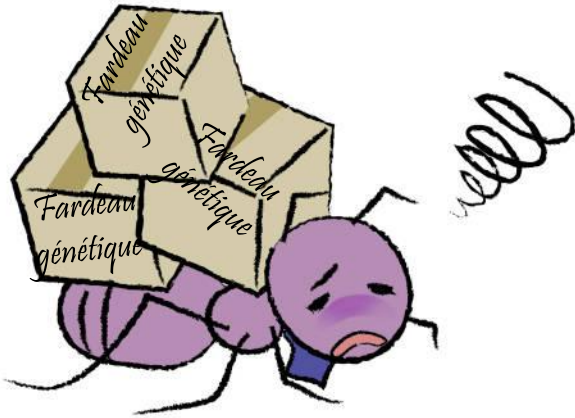
Définition du fardeau génétique par Muller en 1950 :

Diminution de la **valeur sélective** moyenne d'une population,
due à l'**accumulation de mutations délétères**,
par rapport à celle qui serait observée s'il n'y avait aucune mutation délétère

$$L = 1 - \bar{W}$$

Du point de vue génomique :

Le fardeau est l'**ensemble des mutations délétères** d'un génome



Fardeau génétique de mutations délétères

Définition du fardeau génétique par Muller en 1950 :

Diminution de la **valeur sélective** moyenne d'une population,
due à l'**accumulation de mutations délétères**,
par rapport à celle qui serait observée s'il n'y avait aucune mutation délétère

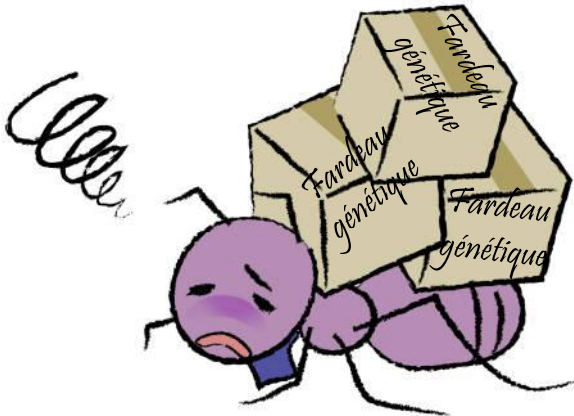
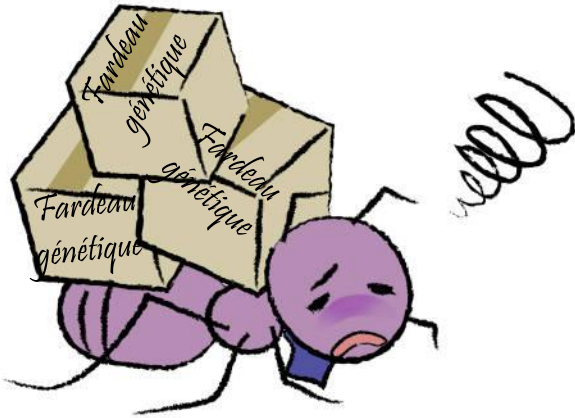
$$L = 1 - \bar{W}$$

Du point de vue génomique :

Le fardeau est l'**ensemble des mutations délétères** d'un génome

Pourquoi y-a-t-il potentiellement accumulation de
nombreuses mutations délétères?

En particulier aux marges des distributions des
espèces?

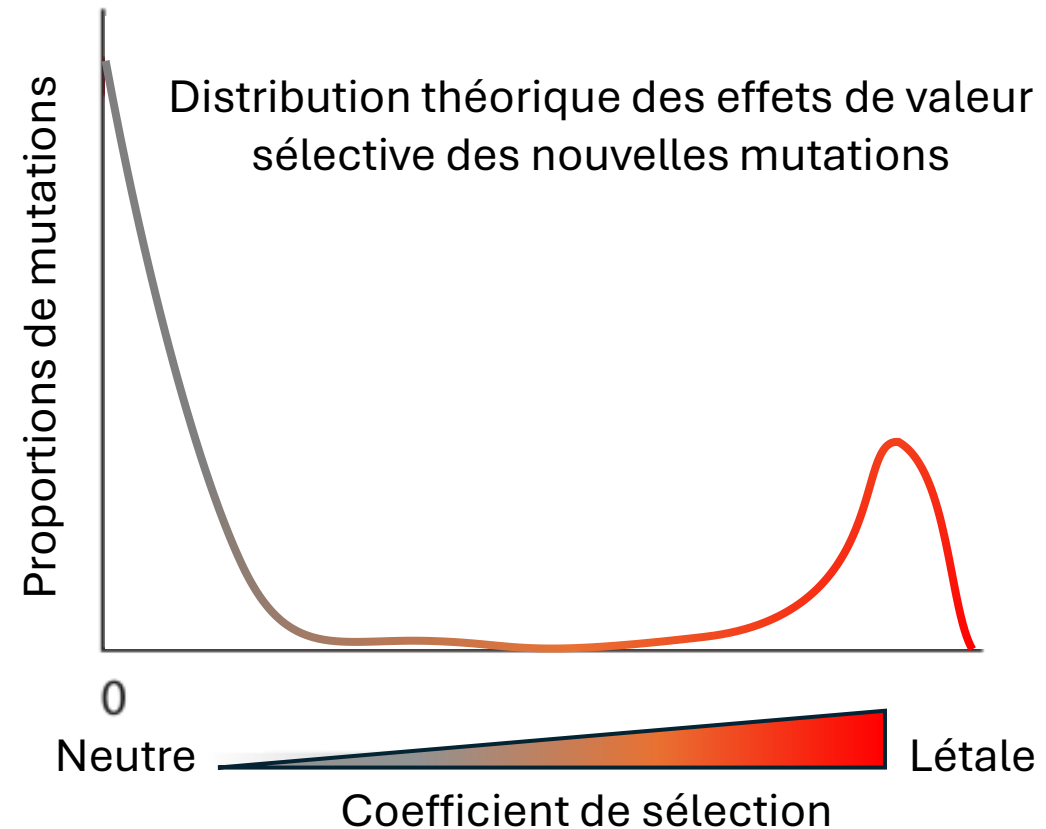


Les nouvelles mutations peuvent être délétères

Pourquoi y-a-t-il potentiellement accumulation de nombreuses mutations délétères?

Mutation *de novo*

Le coefficient de sélection s = la réduction relative de la valeur sélective d'un génotype par rapport au génotype le plus avantageux.



La récessivité des mutations délétères

Pourquoi y-a-t-il potentiellement accumulation de nombreuses mutations délétères?

Dominance (h) = expression préférentielle d'un allèle chez l'hétérozygote.

Génotype	AA	Aa	aa
Valeur sélective	1	$1 - hs$	$1 - s$

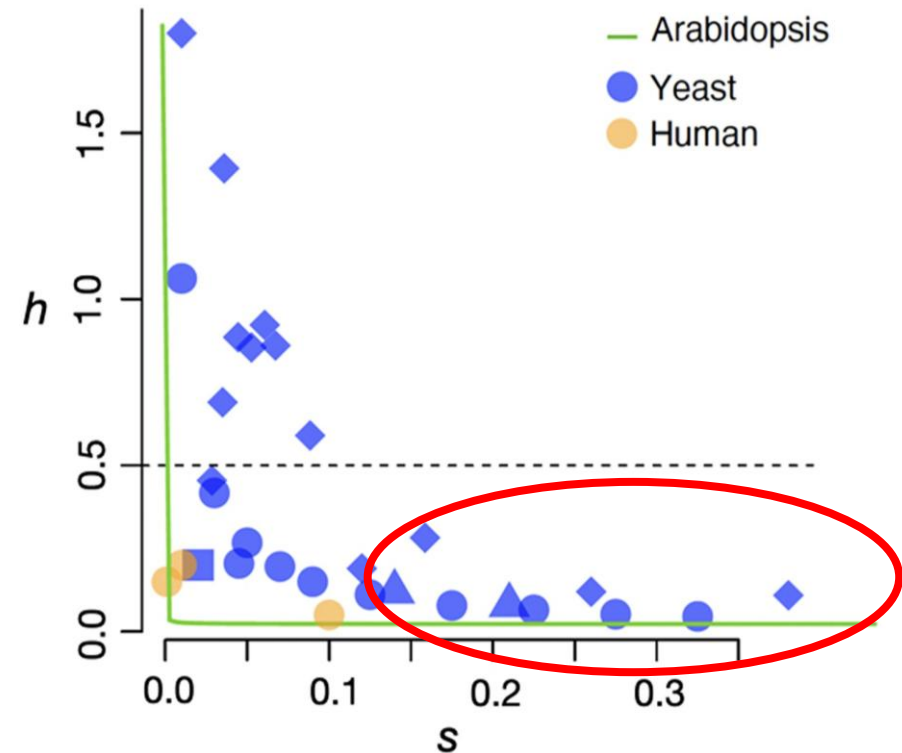
La récessivité des mutations délétères

Pourquoi y-a-t-il potentiellement accumulation de nombreuses mutations délétères?

Dominance (h) = expression préférentielle d'un allèle chez l'hétérozygote.

Génotype	AA	Aa	aa
Valeur sélective	1	$1 - hs$	$1 - s$

Plus une mutation est délétère (**s élevé**), plus elle a tendance à être récessive (**h faible**)



La récessivité des mutations délétères

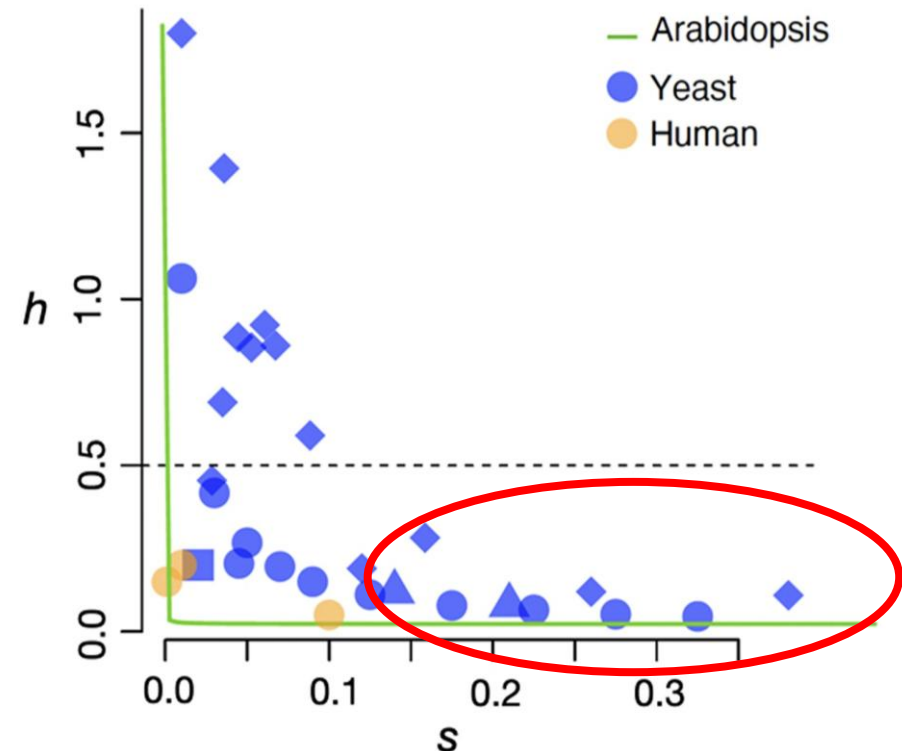
Pourquoi y-a-t-il potentiellement accumulation de nombreuses mutations délétères?

Dominance (h) = expression préférentielle d'un allèle chez l'hétérozygote.

Génotype	AA	Aa	aa
Valeur sélective	1	$1 - hs$	$1 - s$
	↓	↓	↓
Allèle exprimé	A	A dominant	a récessif

Pour une nouvelle mutation $s = 0.5$ et $h = 0$:
Valeur sélective $Aa = 1 - 0 \cdot 0.5 = 1$

Plus une mutation est délétère (**s élevé**), plus elle a tendance à être récessive (**h faible**)

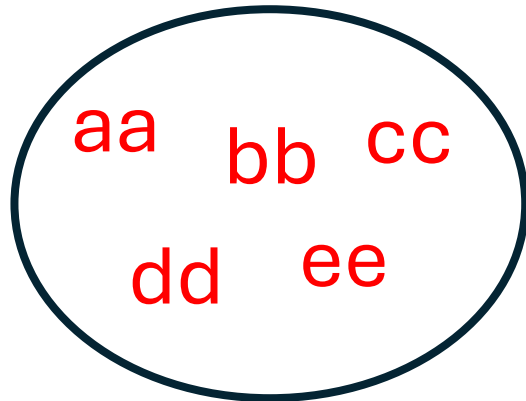


Un nouveau cadre conceptuel du fardeau génétique

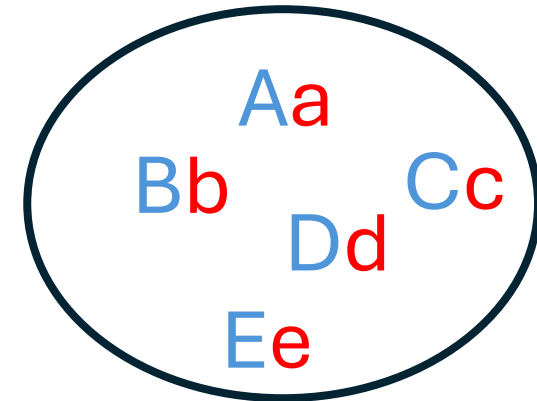
Pourquoi y-a-t-il potentiellement accumulation de nombreuses mutations délétères?

Fardeau génétique = Fardeau réalisé + Fardeau masqué

Fardeau réalisé = l'ensemble des mutations délétères qui sont exprimées sous forme homozygotes



Fardeau masqué = l'ensemble des mutations délétères qui ne sont pas exprimées et qui sont cachées sous forme hétérozygote



S'accumule dans les grandes populations

Ne réduit : forte dérive et sélection moins efficace

En particulier aux marges des distributions des espèces?

La dérive génétique =

Variation aléatoire des
fréquences alléliques
d'une génération à l'autre

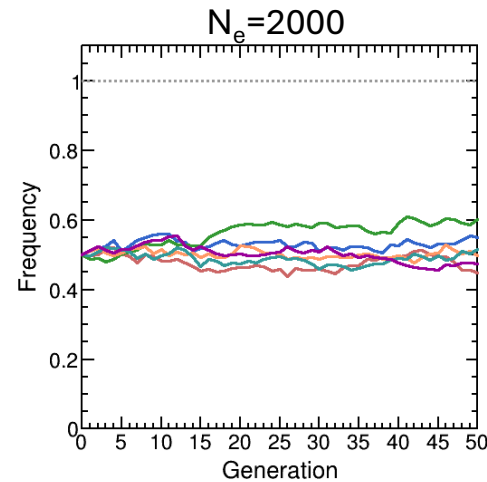
Intensité de dérive = $1 / N_e$

Ne réduit : forte dérive et sélection moins efficace

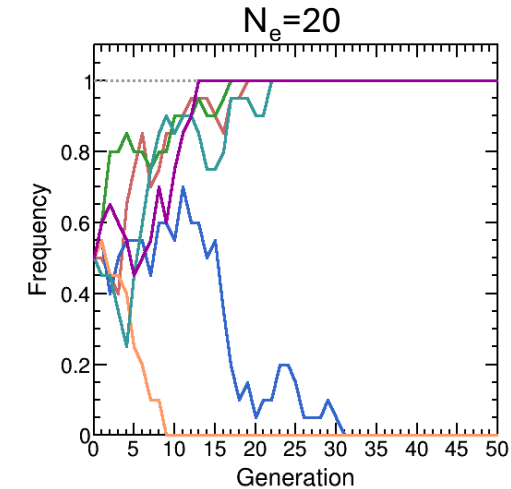
En particulier aux marges des distributions des espèces?

La dérive génétique =
Variation aléatoire des
fréquences alléliques
d'une génération à l'autre

Intensité de dérive = $1 / N_e$



Grande population



Petite population

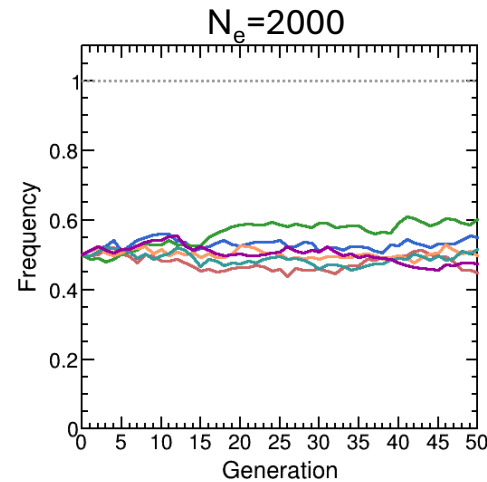


Ne réduit : forte dérive et sélection moins efficace

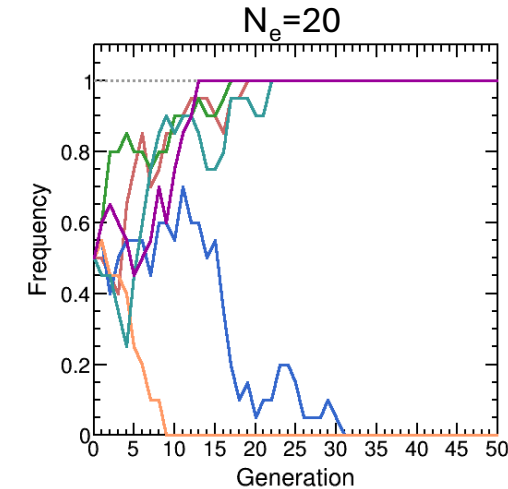
En particulier aux marges des distributions des espèces?

La dérive génétique =
Variation aléatoire des
fréquences alléliques
d'une génération à l'autre

Intensité de dérive = $1 / N_e$



Grande population



Petite population

La sélection purificatrice =
Processus de sélection
naturelle qui élimine les
mutations délétères d'une
génération à l'autre

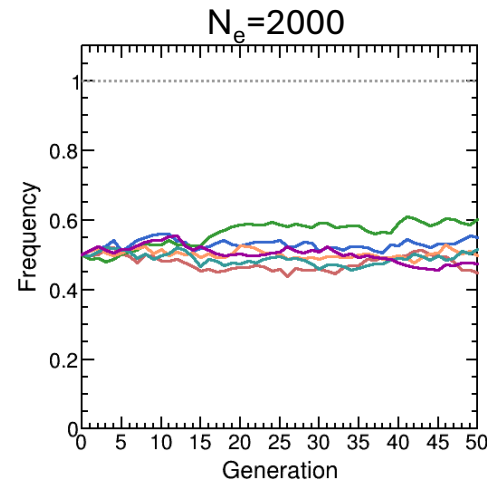
Efficacité de la sélection = $N_e \times s$

Ne réduit : forte dérive et sélection moins efficace

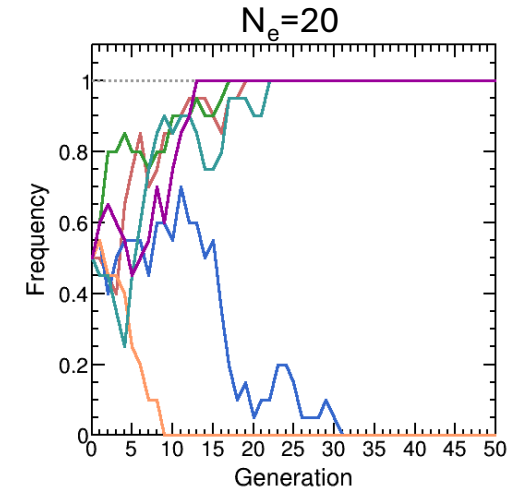
En particulier aux marges des distributions des espèces?

La dérive génétique =
Variation aléatoire des
fréquences alléliques
d'une génération à l'autre

Intensité de dérive = $1 / N_e$



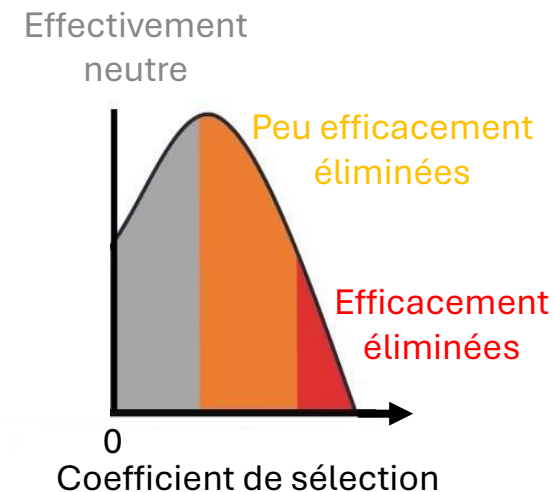
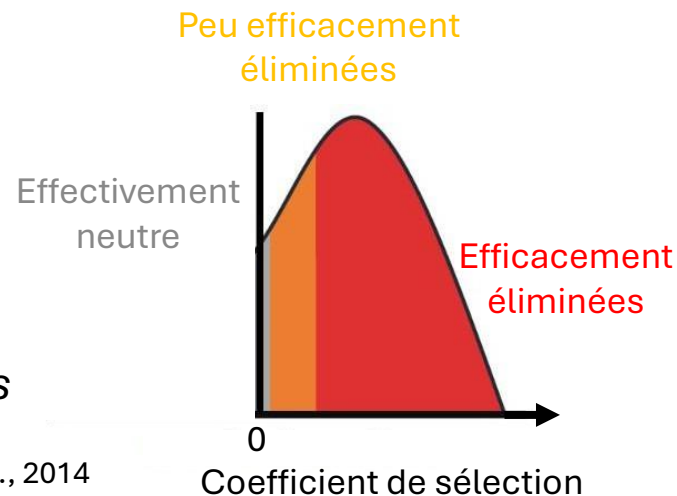
Grande population



Petite population

La sélection purificatrice =
Processus de sélection
naturelle qui élimine les
mutations délétères d'une
génération à l'autre

Efficacité de la sélection = $N_e \times s$

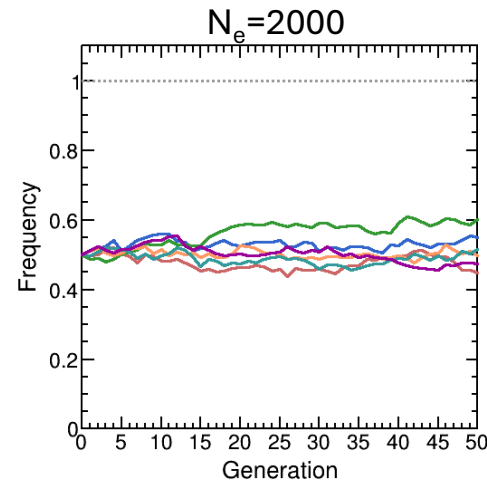


Ne réduit : forte dérive et sélection moins efficace

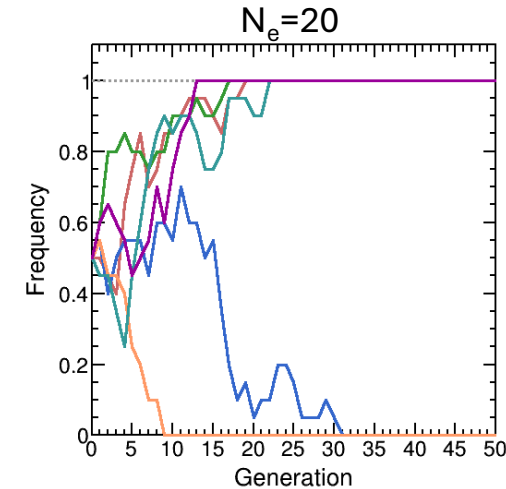
En particulier aux marges des distributions des espèces?

La dérive génétique =
Variation aléatoire des
fréquences alléliques
d'une génération à l'autre

Intensité de dérive = $1 / N_e$



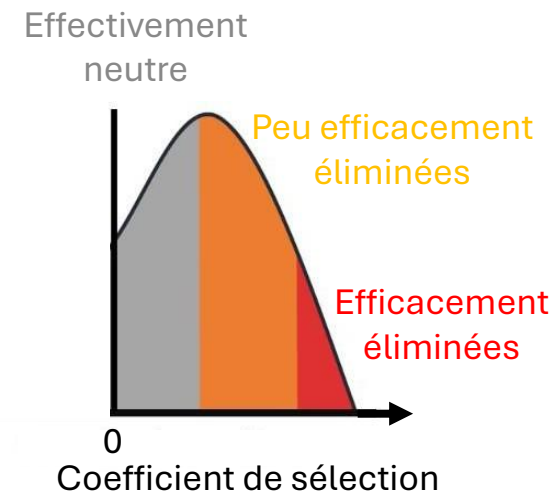
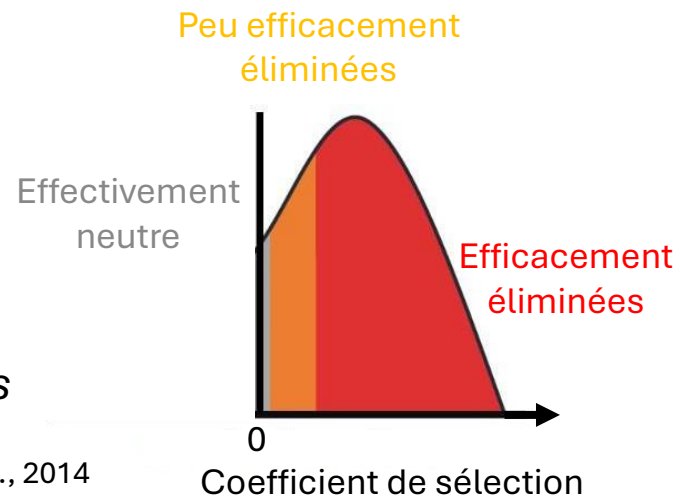
Grande population



Petite population

La sélection purificatrice =
Processus de sélection
naturelle qui élimine les
mutations délétères d'une
génération à l'autre

Efficacité de la sélection = $N_e \times s$

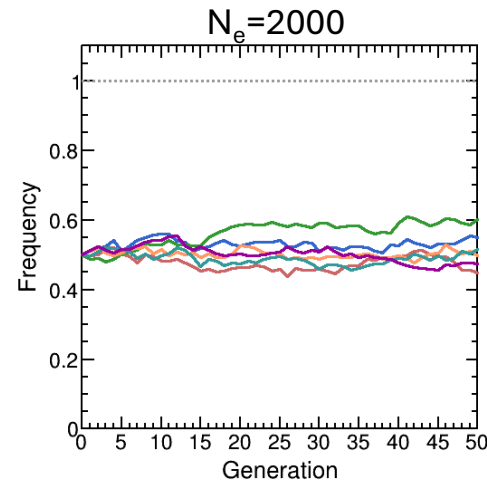


Ne réduit : forte dérive et sélection moins efficace

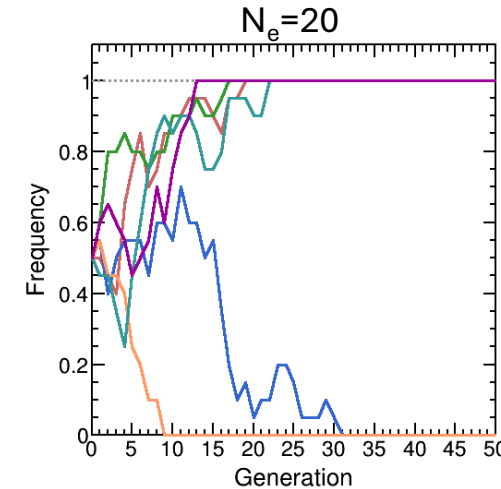
En particulier aux marges des distributions des espèces?

La dérive génétique =
Variation aléatoire des
fréquences alléliques
d'une génération à l'autre

Intensité de dérive = $1 / N_e$



Grande population



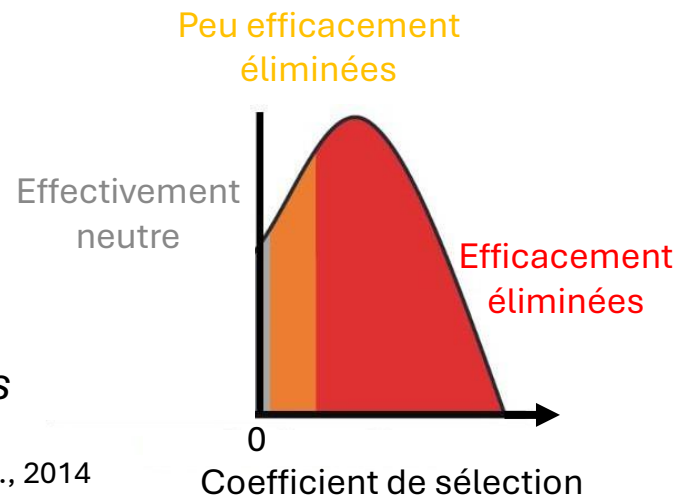
Petite population

**Dérive génétique
plus intense**



La sélection purificatrice =
Processus de sélection
naturelle qui élimine les
mutations délétères d'une
génération à l'autre

Efficacité de la sélection = $N_e \times s$



Effectivement
neutre

Peu efficacement
éliminées

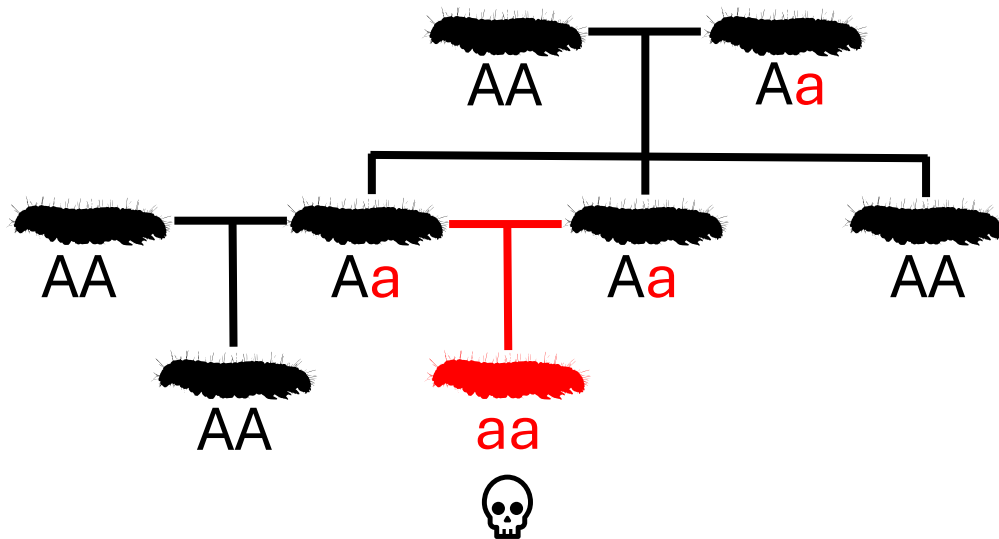
Efficacement
éliminées

**Sélection moins
efficace**

La consanguinité augmente aussi l'homozygotie

En particulier aux marges des distributions des espèces?

Consanguinité = conséquence génétique d'un croisement entre individus génétiquement apparentés



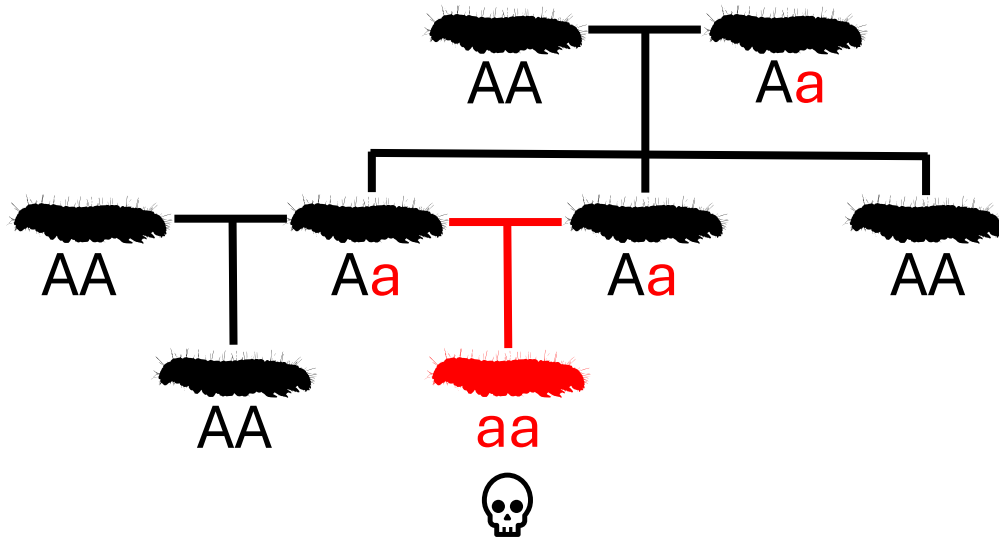
Dépression de consanguinité = effet délétère résultant de l'augmentation de l'homozygotie qui expose les mutations délétères récessives masqués à l'état hétérozygote

Kirkpatrick and Jane, 2000; Martin et al, 2023

La consanguinité augmente aussi l'homozygotie

En particulier aux marges des distributions des espèces?

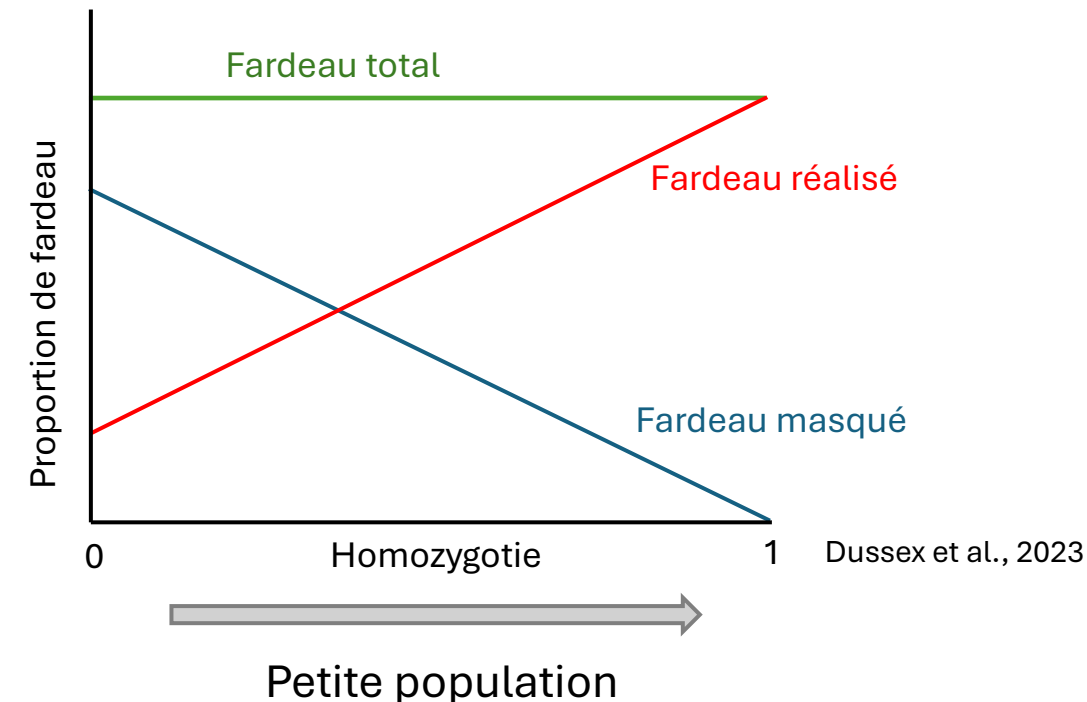
Consanguinité = conséquence génétique d'un croisement entre individus génétiquement apparentés



Dépression de consanguinité = effet délétère résultant de l'augmentation de l'homozygotie qui expose les mutations délétères récessives masqués à l'état hétérozygote

Kirkpatrick and Jane, 2000; Martin et al, 2023

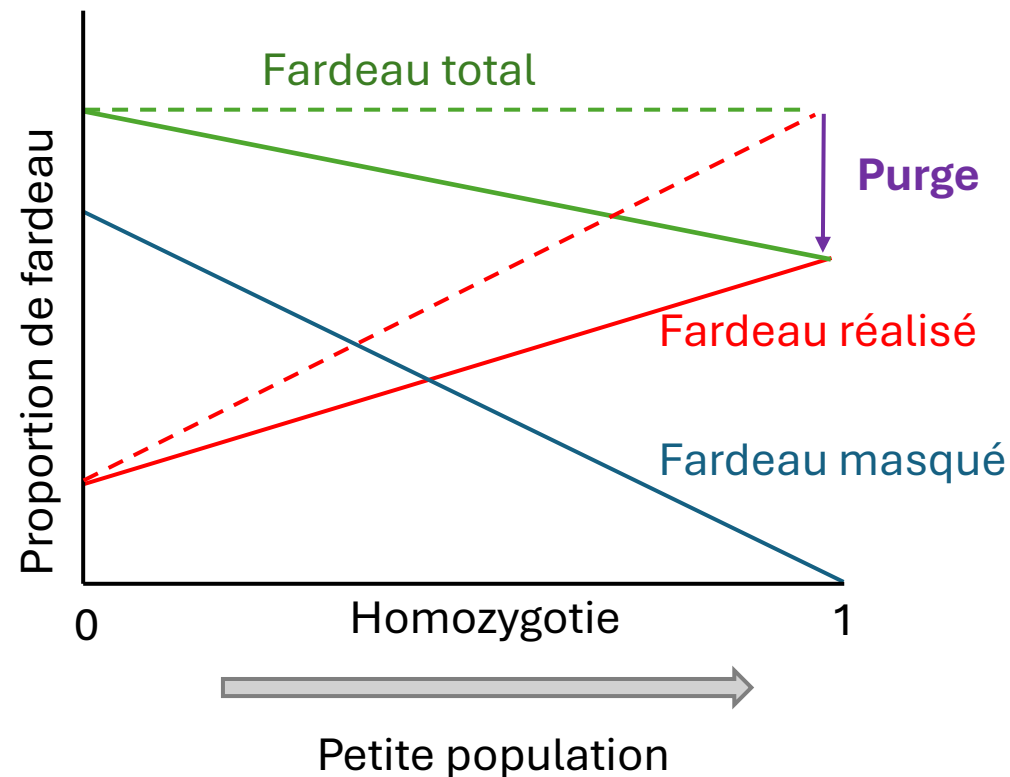
L'augmentation de l'homozygotie entraîne la conversion de fardeau masqué en fardeau réalisé



Des mutations délétères peuvent être purgées

En particulier aux marges des distributions des espèces?

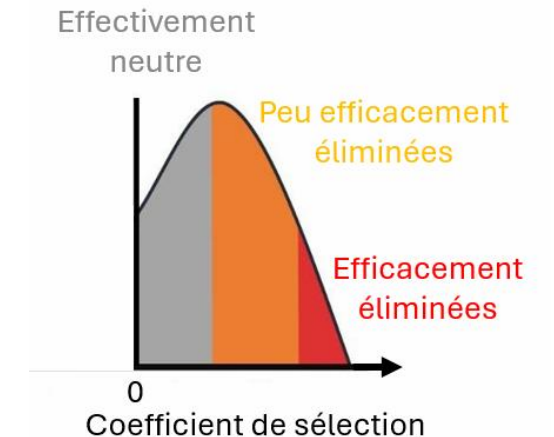
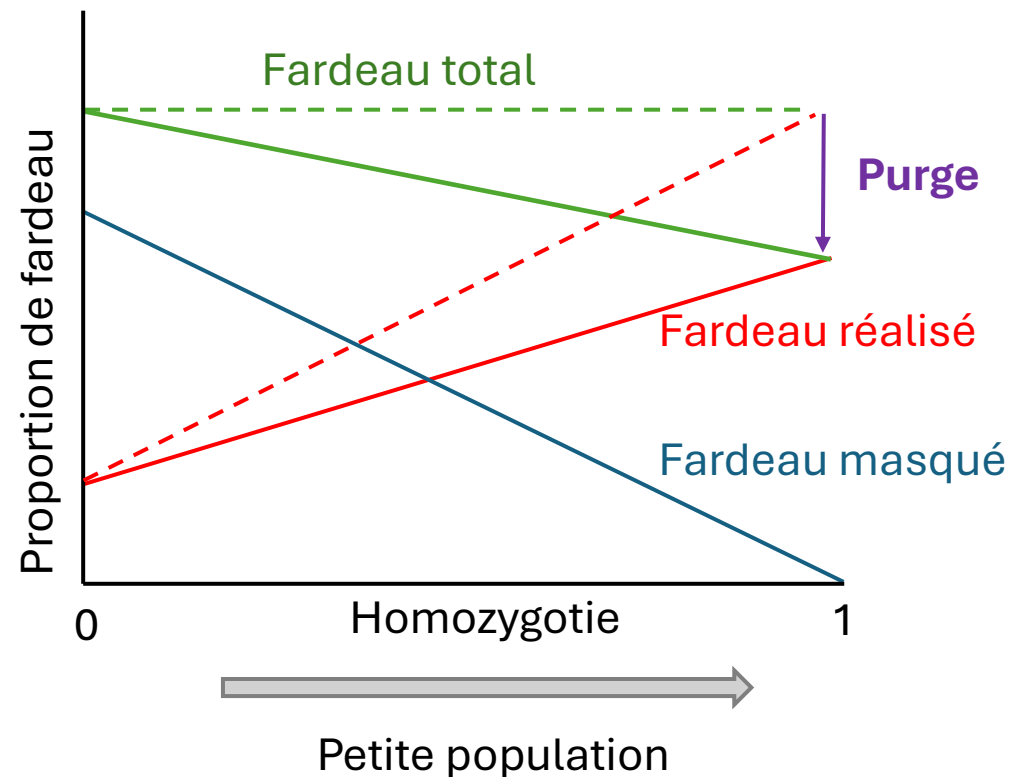
La purge génétique = processus par lequel des allèles très délétères récessifs sont éliminés par la sélection lorsqu'ils sont exposés à l'état homozygote



Des mutations délétères peuvent être purgées

En particulier aux marges des distributions des espèces?

La purge génétique = processus par lequel des allèles très délétères récessifs sont éliminés par la sélection lorsqu'ils sont exposés à l'état homozygote



Apports de la génomique pour étudier le fardeau



Apports de la génomique pour étudier le fardeau

Reséquençage
individu 1

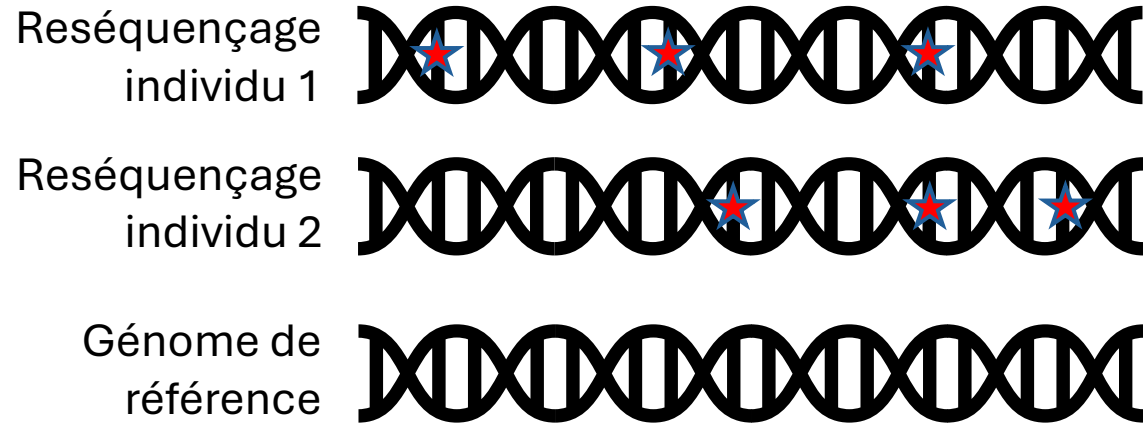


Reséquençage
individu 2



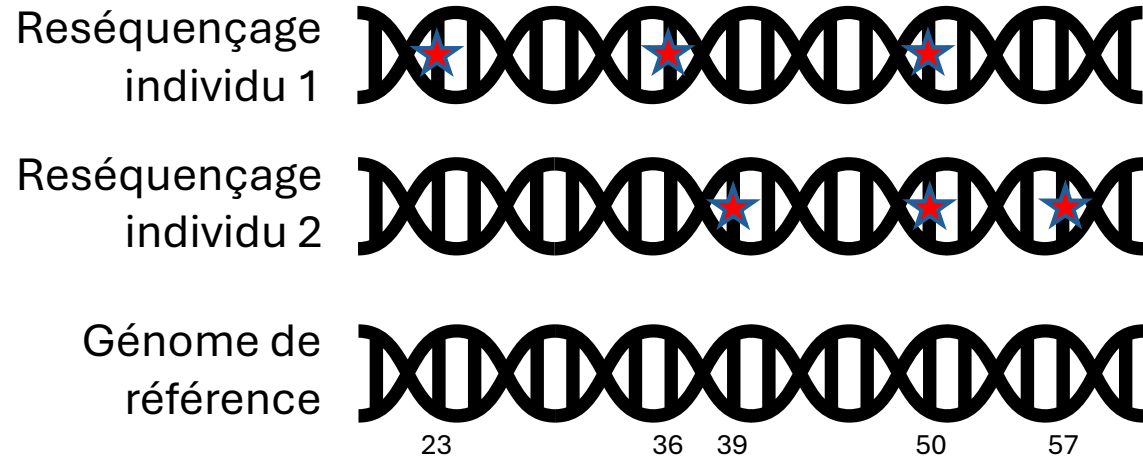
Reséquençage individuel permet de
caractériser les variants génétiques (SNP)

Apports de la génomique pour étudier le fardeau



Reséquençage individuel permet de caractériser les variants génétiques (SNP)

Apports de la génomique pour étudier le fardeau

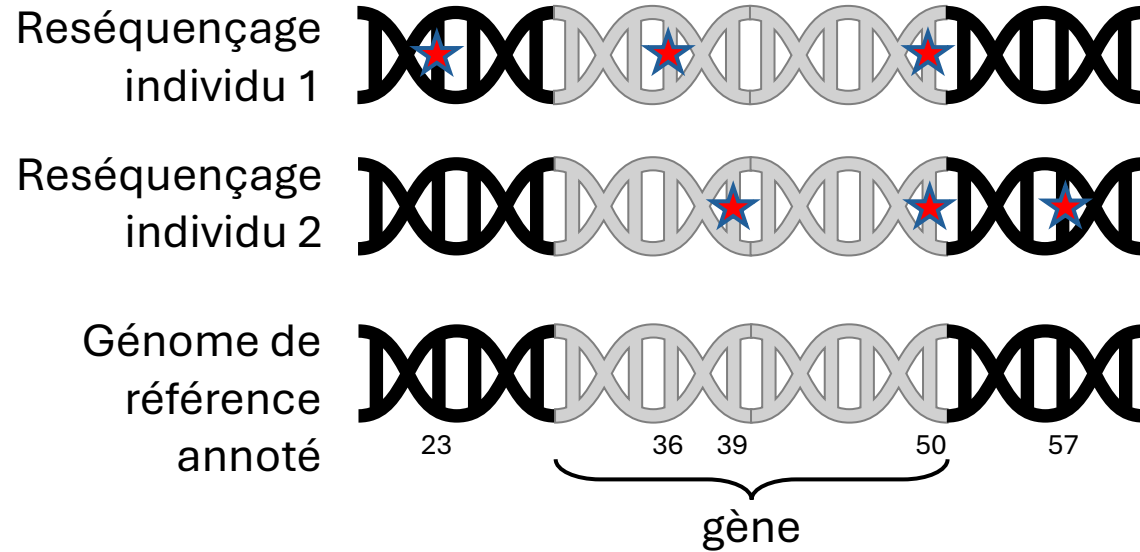


Reséquençage individuel permet de caractériser les variants génétiques (SNP)

Génome permet de connaître

- Les positions des variants sur le génome

Apports de la génomique pour étudier le fardeau

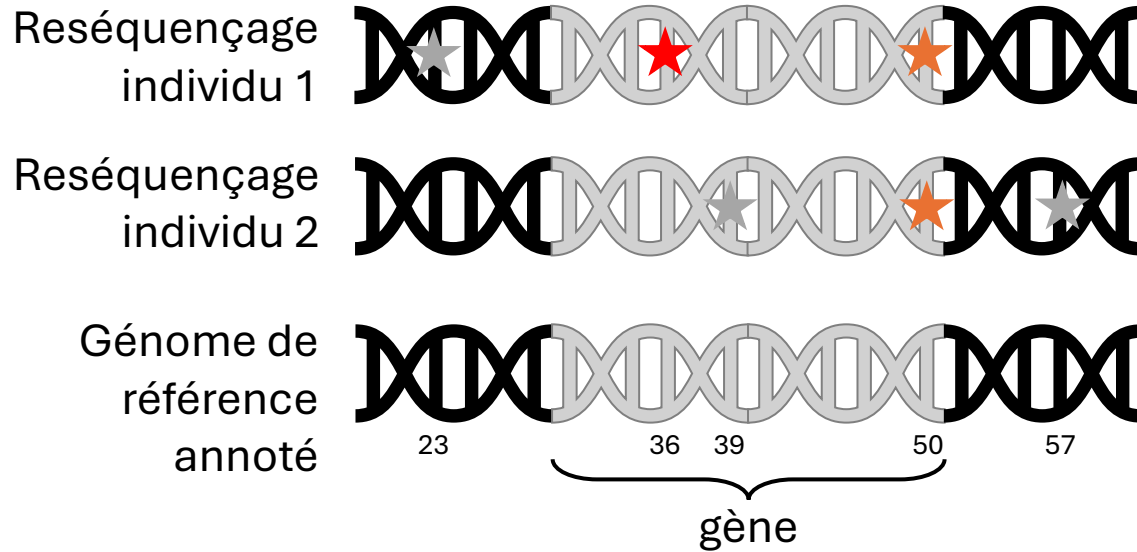


Reséquençage individuel permet de caractériser les variants génétiques (SNP)

Génome permet de connaître

- Les positions des variants sur le génome
- Prédire la nature des variations

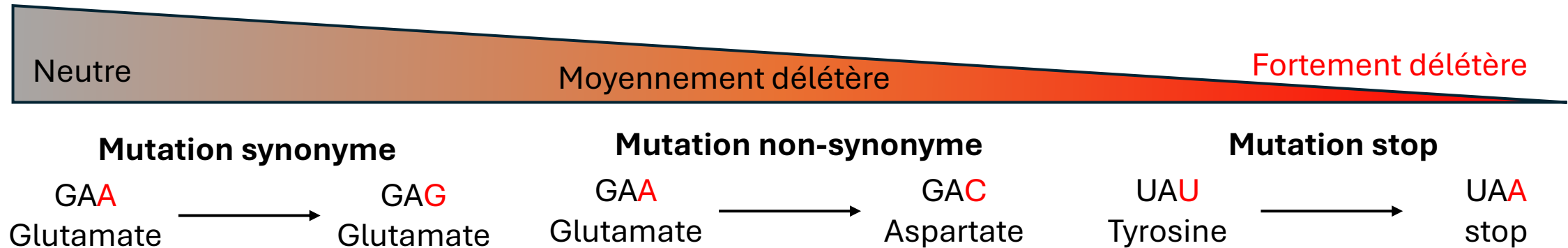
Apports de la génomique pour étudier le fardeau



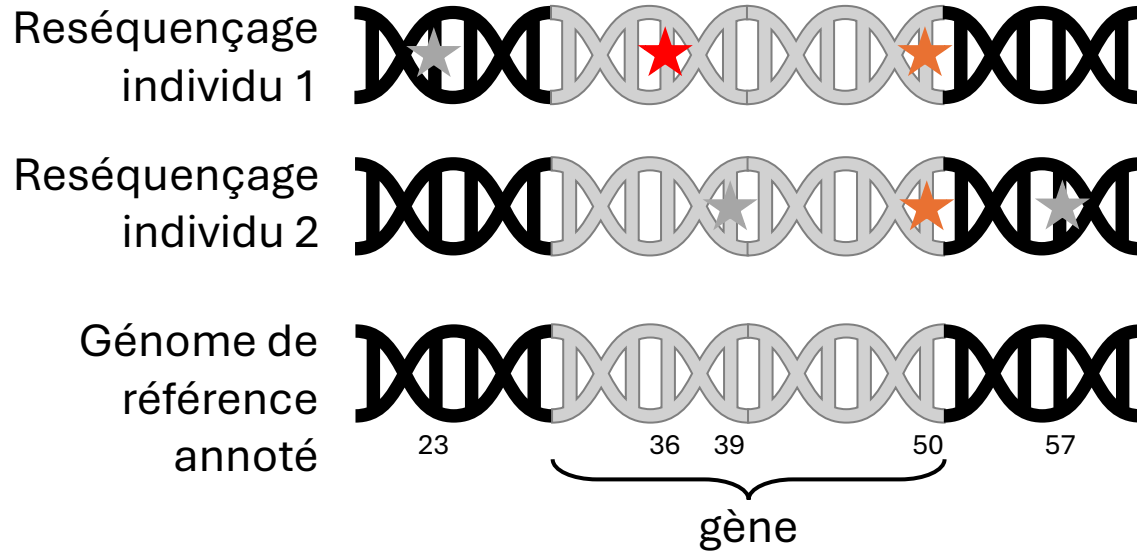
Reséquençage individuel permet de caractériser les variants génétiques (SNP)

Génome permet de connaître

- Les positions des variants sur le génome
- Prédire la nature des variations



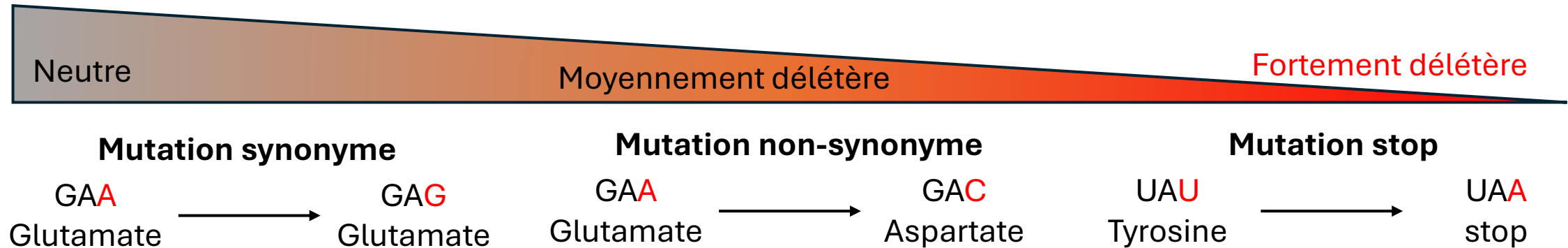
Apports de la génomique pour étudier le fardeau



Reséquençage individuel permet de caractériser les variants génétiques (SNP)

Génome permet de connaître

- Les positions des variants sur le génome
- Prédire la nature des variations



Statistiques : π_N/π_S

R_{XY}

Proportions de fardeaux masqué et réalisé

La processionnaire du pin comme modèle biologique



Pine processionary moth (PPM),
Thaumetopoea pityocampa
(Lepidoptera: Notodontidae)

La processionnaire du pin comme modèle biologique



Pine processionary moth (PPM),
Thaumetopoea pityocampa
(Lepidoptera: Notodontidae)



Un défoliateur majeur de
diverses espèces de *Pinus*

Roques et al., 2015

La processionnaire du pin comme modèle biologique



Pine processionary moth (PPM),
Thaumetopoea pityocampa
(Lepidoptera: Notodontidae)



Un défoliateur majeur de
diverses espèces de *Pinus*

Roques et al., 2015



Les soies des chenilles urticantes
provoquent irritations et allergies chez
l'homme et les animaux

Kawamoto et al., 1977

La processionnaire du pin comme modèle biologique

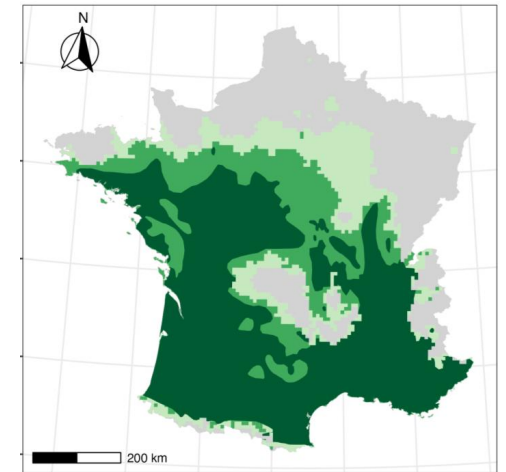


Pine processionary moth (PPM),
Thaumetopoea pityocampa
(Lepidoptera: Notodontidae)



Un défoliateur majeur de
diverses espèces de *Pinus*

Roques et al., 2015



Beaucoup de travaux sur la phénologie,
l'écologie et sa distribution

Démolin 1969; Battisti et al., 2005; Robinet et al., 2010; URZF



Les soies des chenilles urticantes
provoquent irritations et allergies chez
l'homme et les animaux

Kawamoto et al., 1977

La processionnaire du pin comme modèle biologique

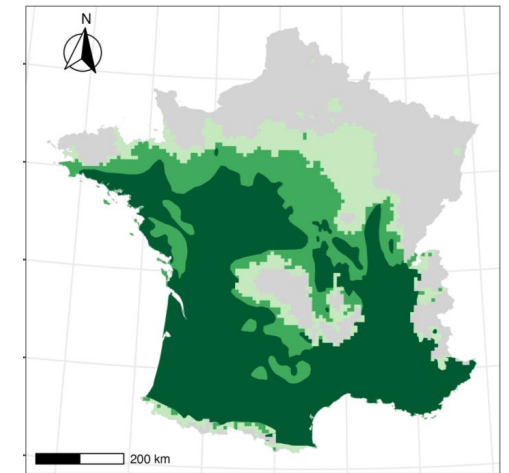


Pine processionary moth (PPM),
Thaumetopoea pityocampa
(Lepidoptera: Notodontidae)



Un défoliateur majeur de
diverses espèces de *Pinus*

Roques et al., 2015



Beaucoup de travaux sur la phénologie,
l'écologie et sa distribution

Démolin 1969; Battisti et al., 2005; Robinet et al., 2010; URZF



Les soies des chenilles urticantes
provoquent irritations et allergies chez
l'homme et les animaux

Kawamoto et al., 1977



Un cycle de vie bien connu avec un
développement larvaire hivernal

Huchon et Démolin, 1970

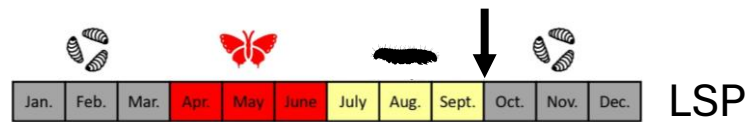
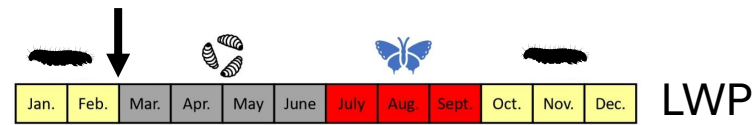
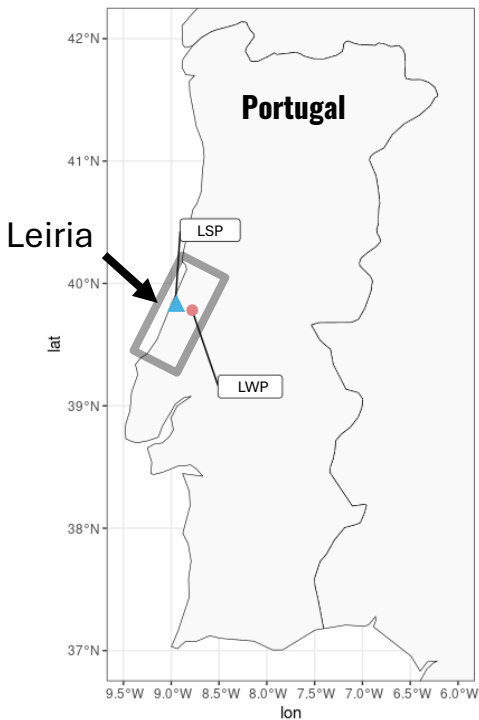
Deux contextes d'intérêt

Cas d'une population
allochronique

Cas d'une expansion
géographique récente

Deux contextes d'intérêt

Cas d'une population
allochronique

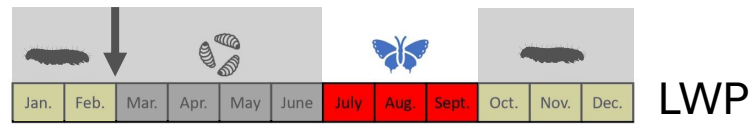
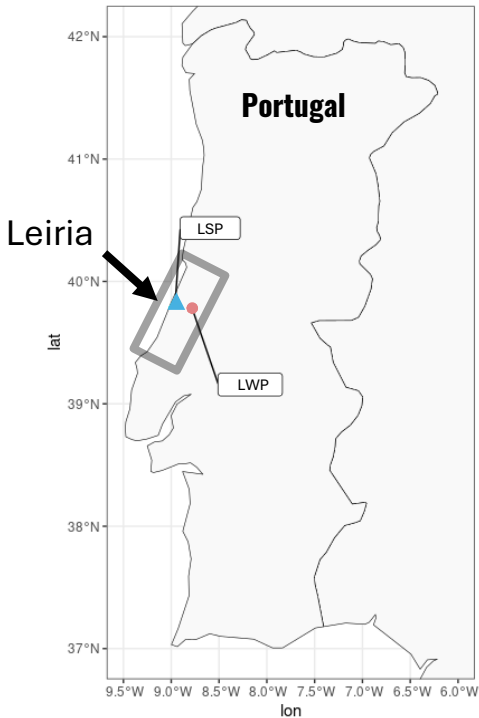


Santos et al., 2007

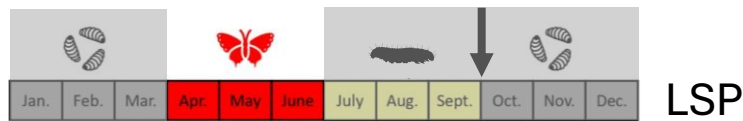
Cas d'une expansion
géographique récente

Deux contextes d'intérêt

Cas d'une population
allochronique



Développement larvaire hivernale



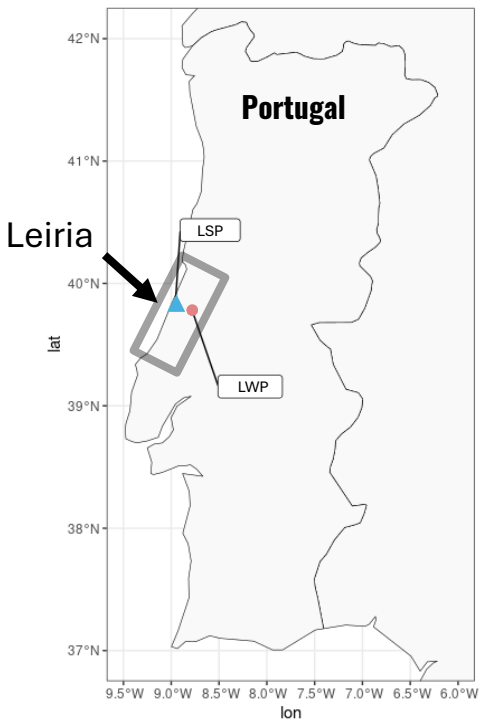
Développement larvaire estivale

Santos et al., 2007

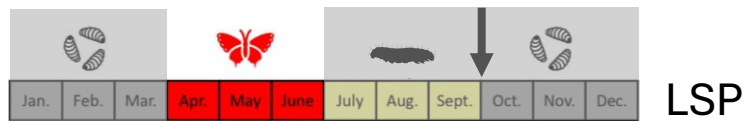
Cas d'une expansion
géographique récente

Deux contextes d'intérêt

Cas d'une population
allochronique



Développement larvaire hivernale

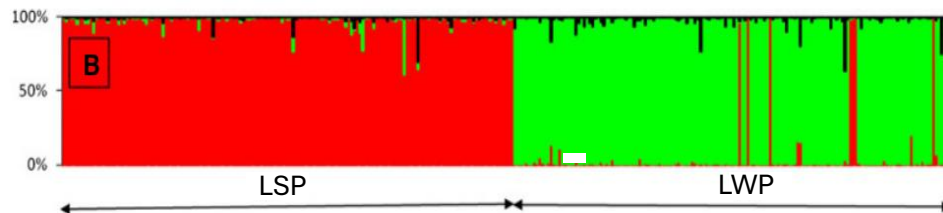


Développement larvaire estivale

Santos et al., 2007

F_{ST} LSP vs. LWP = 0.26

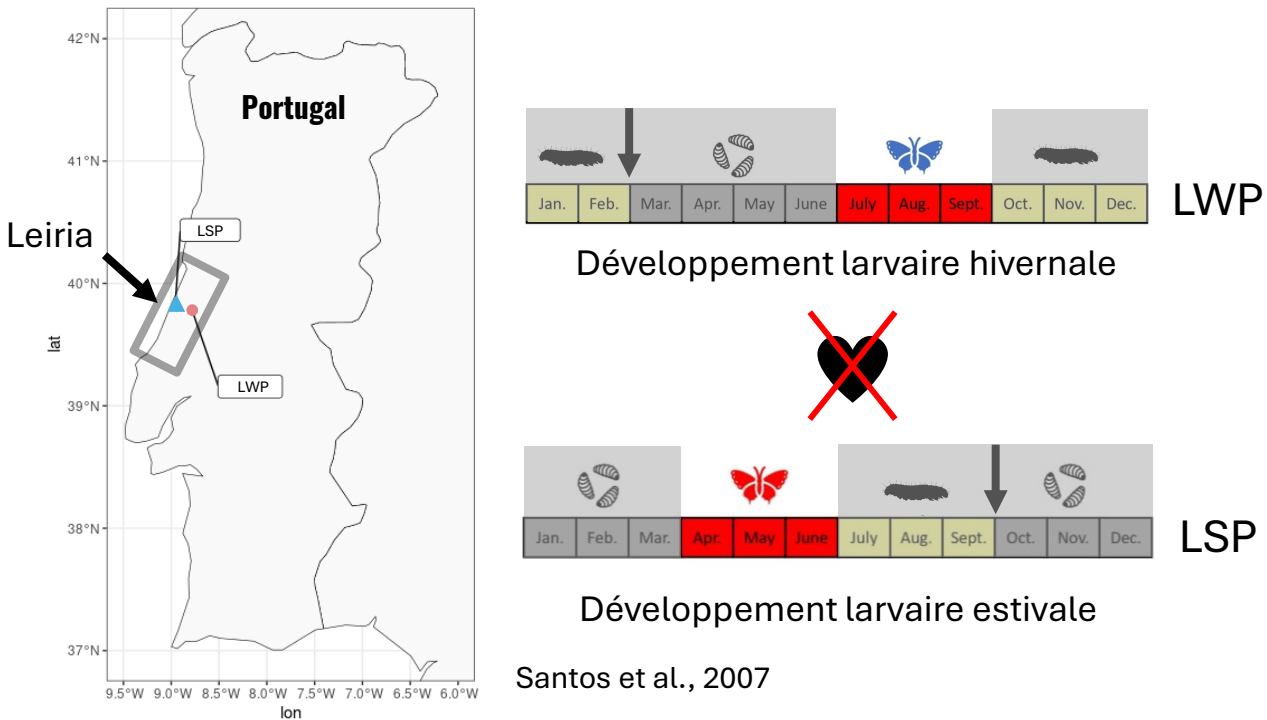
Burban et al., 2016



Cas d'une expansion
géographique récente

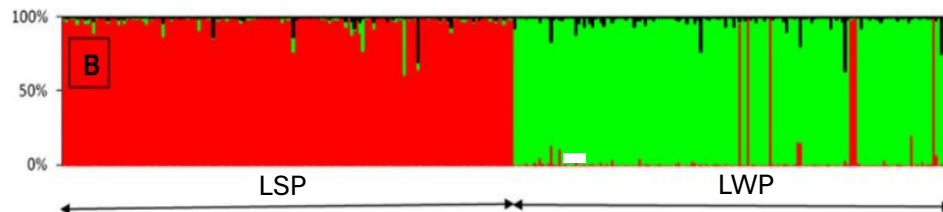
Deux contextes d'intérêt

Cas d'une population
allochronique

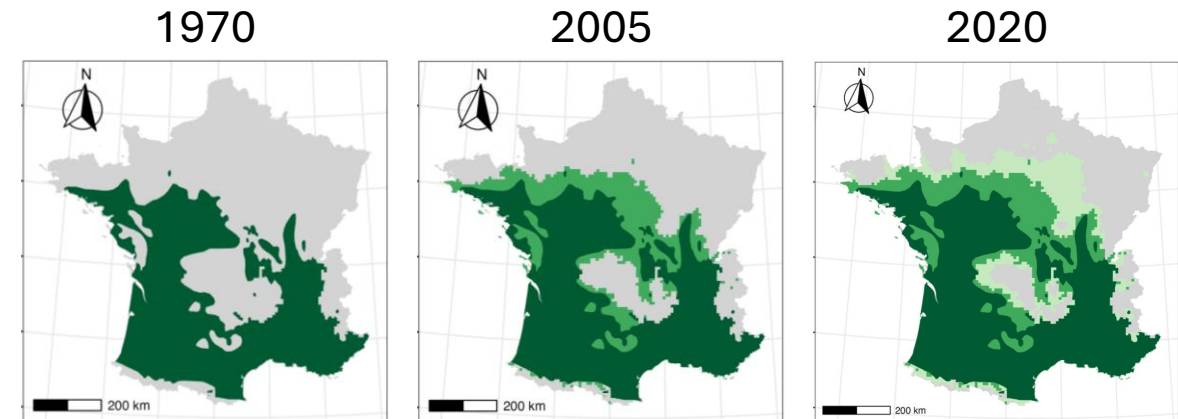


$F_{ST} \text{ LSP vs. LWP} = 0.26$

Burban et al., 2016

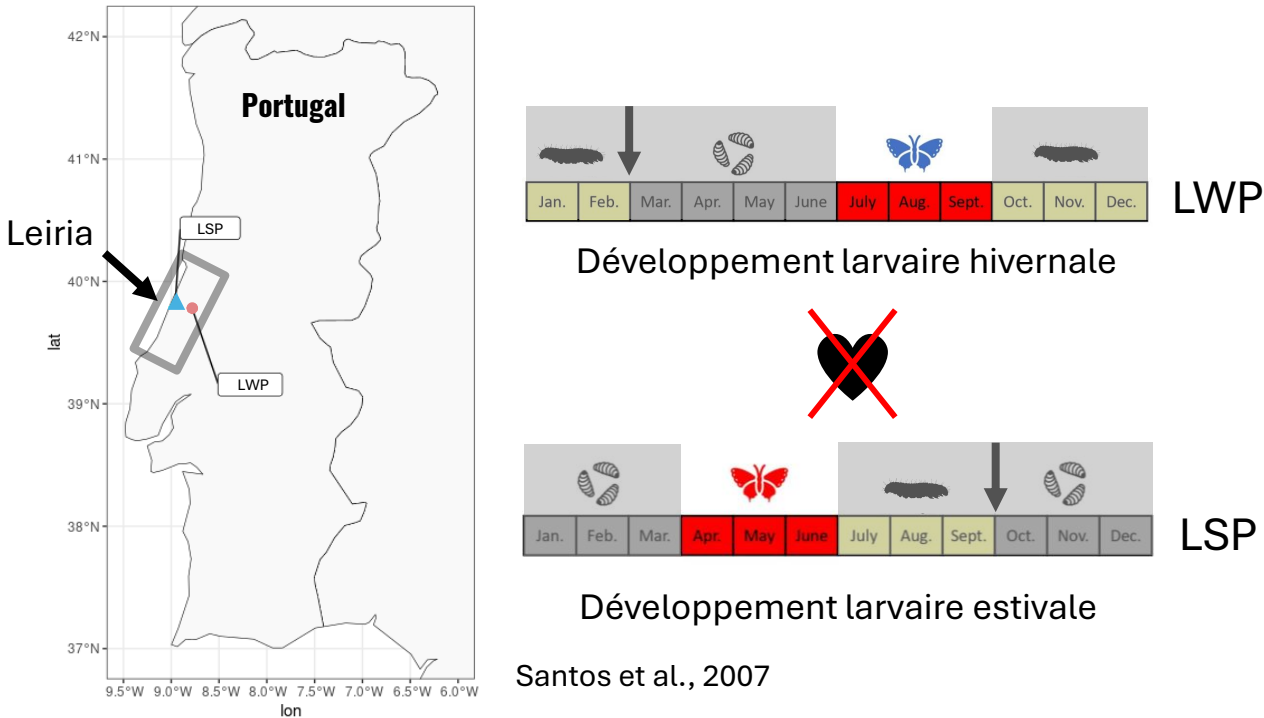


Cas d'une expansion
géographique récente



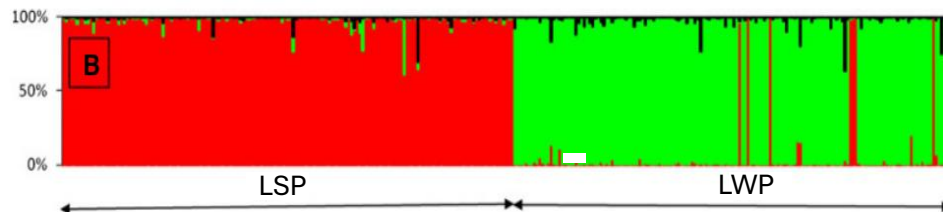
Deux contextes d'intérêt

Cas d'une population
allochronique

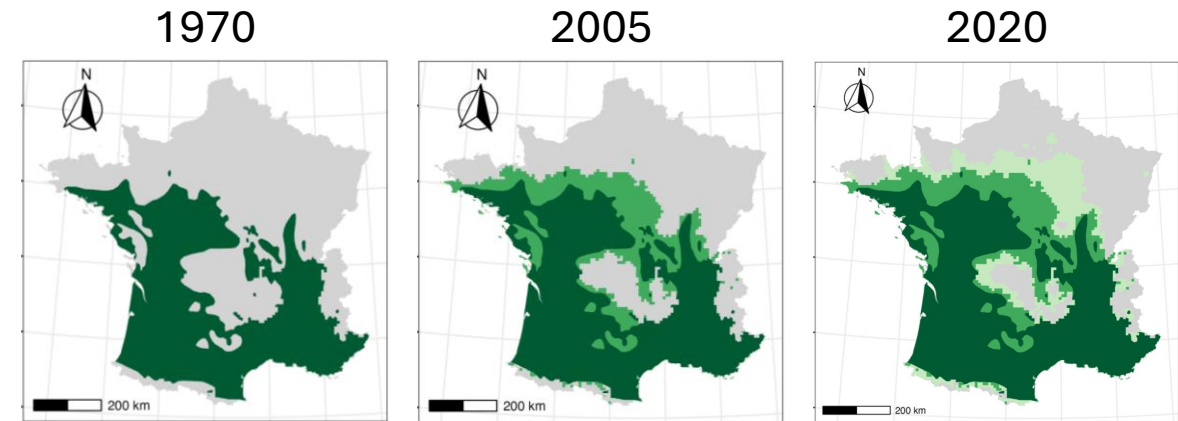


F_{ST} LSP vs. LWP = 0.26

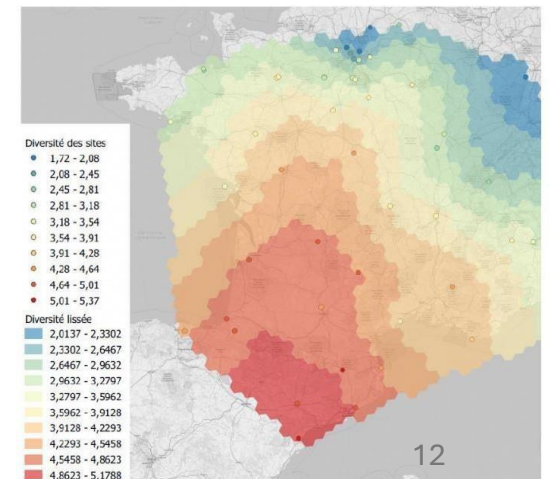
Burban et al., 2016



Cas d'une expansion
géographique récente

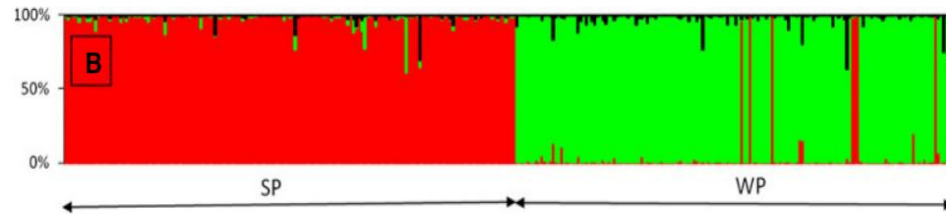


Baisse graduelle de la
diversité génétique le long
de l'axe d'expansion
géographique

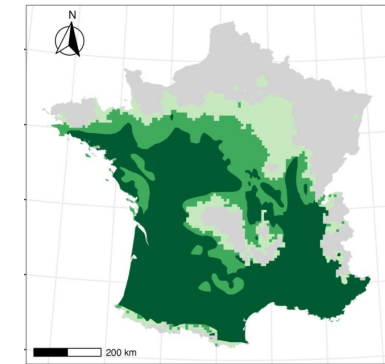


Deux contextes d'intérêt pour tester nos hypothèses

Cas d'une population
allochronique



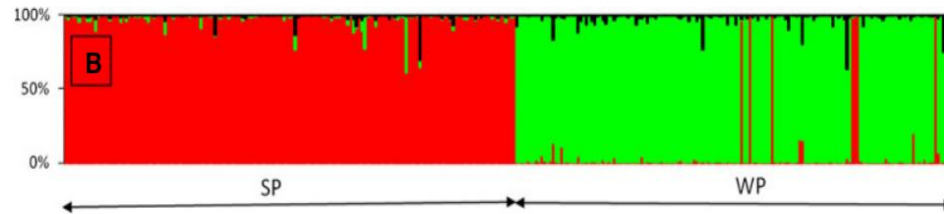
Cas d'une expansion
géographique récente



2020

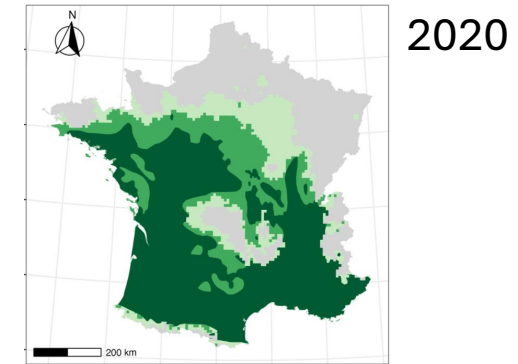
Deux contextes d'intérêt pour tester nos hypothèses

Cas d'une population
allochronique



Est-ce que l'isolement des populations et l'allochronie s'accompagne :

Cas d'une expansion
géographique récente



Est-ce que l'expansion s'accompagne :

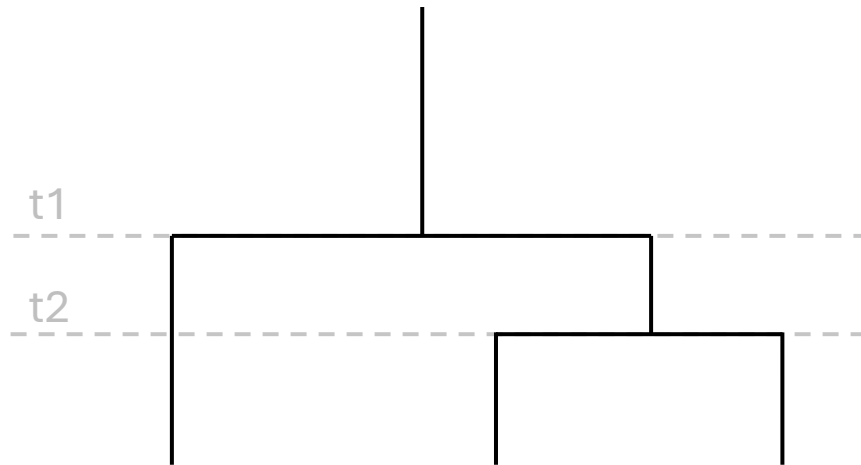
- d'une augmentation de consanguinité ?
- d'une accumulation de mutations délétères ?
- d'une purge des mutations délétères à fort effet ?

Chapitre 1

Génomique de la divergence allochronique récente chez la processionnaire du pin : causes et conséquences génomiques

Objectifs du chapitre

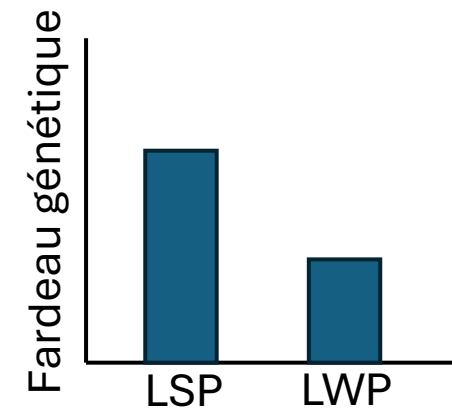
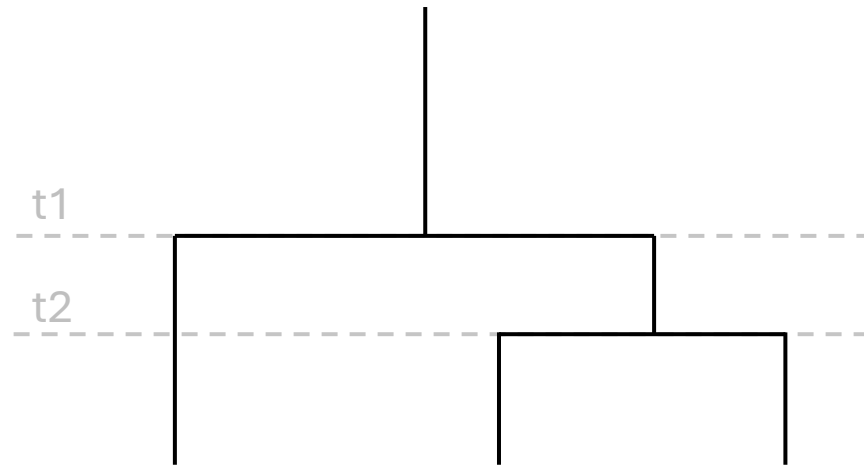
Quel est le **scenario** le plus probable de **divergence** allochronique ?



Objectifs du chapitre

Quel est le **scenario** le plus probable de **divergence** allochronique ?

Quelles sont les **conséquences génomiques** de la divergence allochronique sur le **fardeau génétique** ?



Nouvelles ressources génomiques

Génome de référence au niveau
chromosomique



Une annotation

Nouvelles ressources génomiques

Génome de référence au niveau
chromosomique

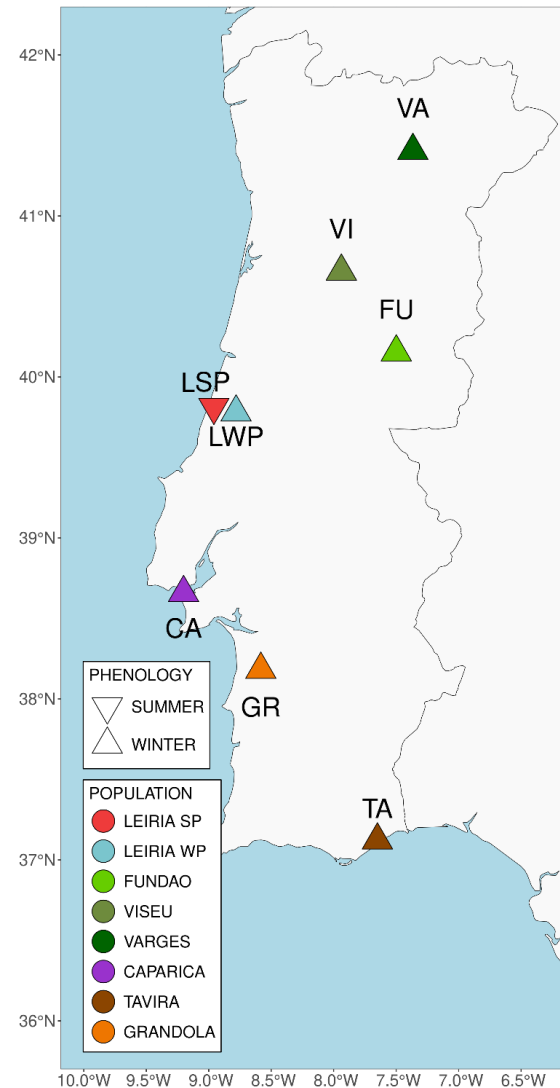
+

Une annotation

+

Des reséquençage WGS
(Pool-seq et Ind-seq)

D'individus au Portugal...



Nouvelles ressources génomiques

Génome de référence au niveau
chromosomique

+

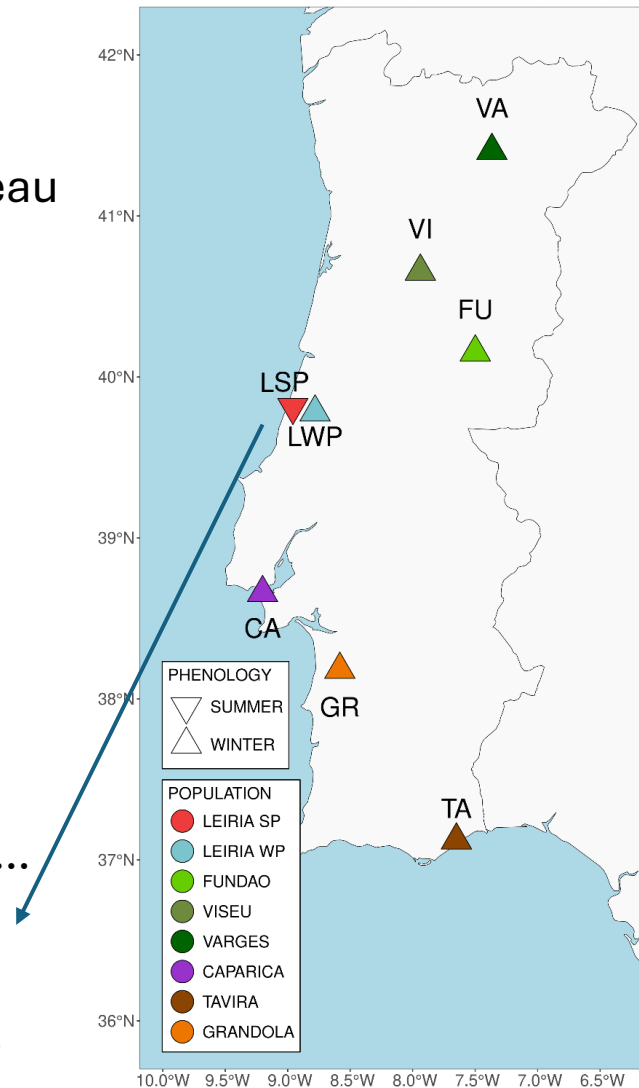
Une annotation

+

Des reséquençage WGS
(Pool-seq et Ind-seq)

D'individus au Portugal...

LSP : pop.
allochronique,
sympatrique avec **LWP**



Nouvelles ressources génomiques

Génome de référence au niveau
chromosomique

+

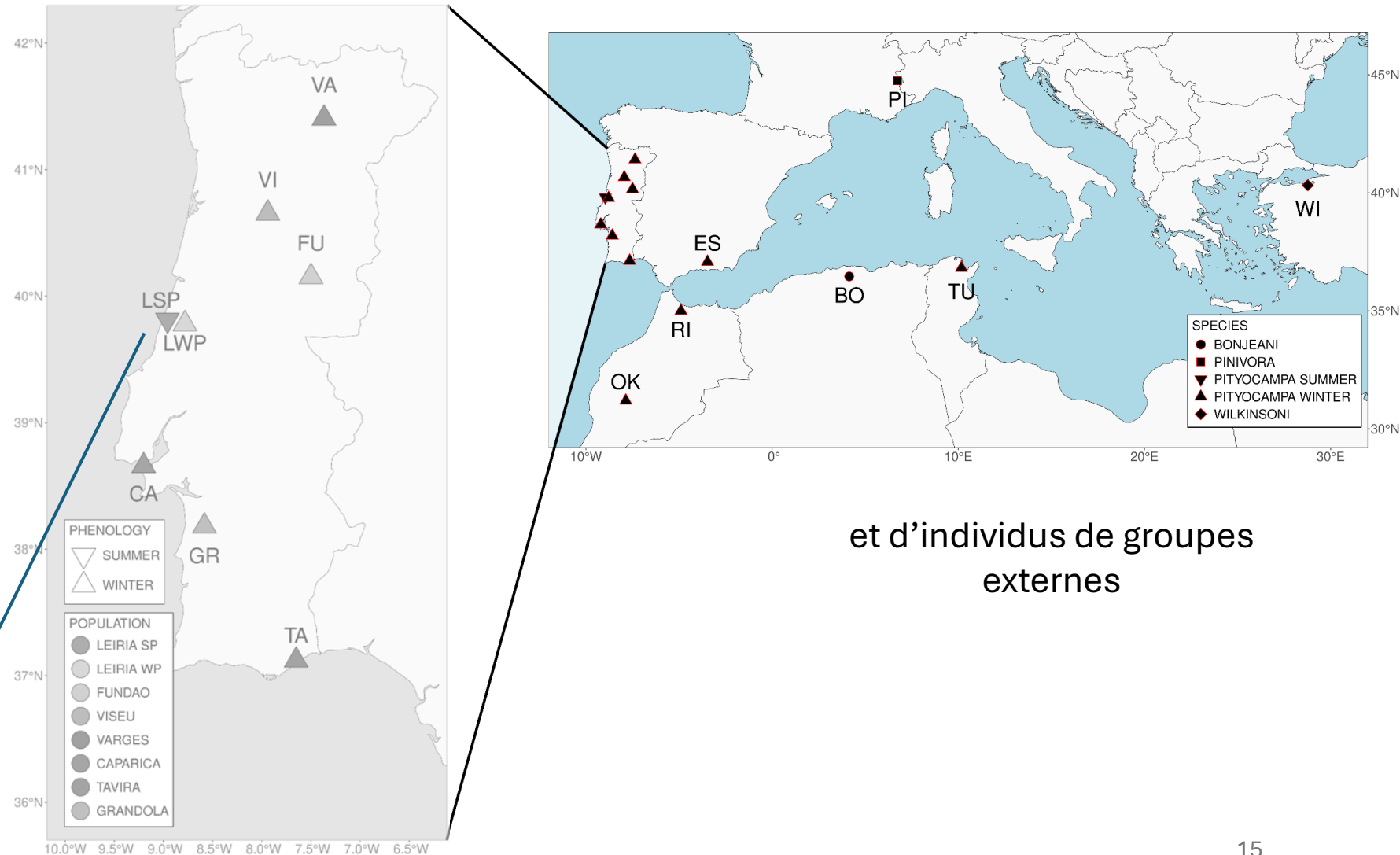
Une annotation

+

Des reséquençage WGS
(Pool-seq et Ind-seq)

D'individus au Portugal...

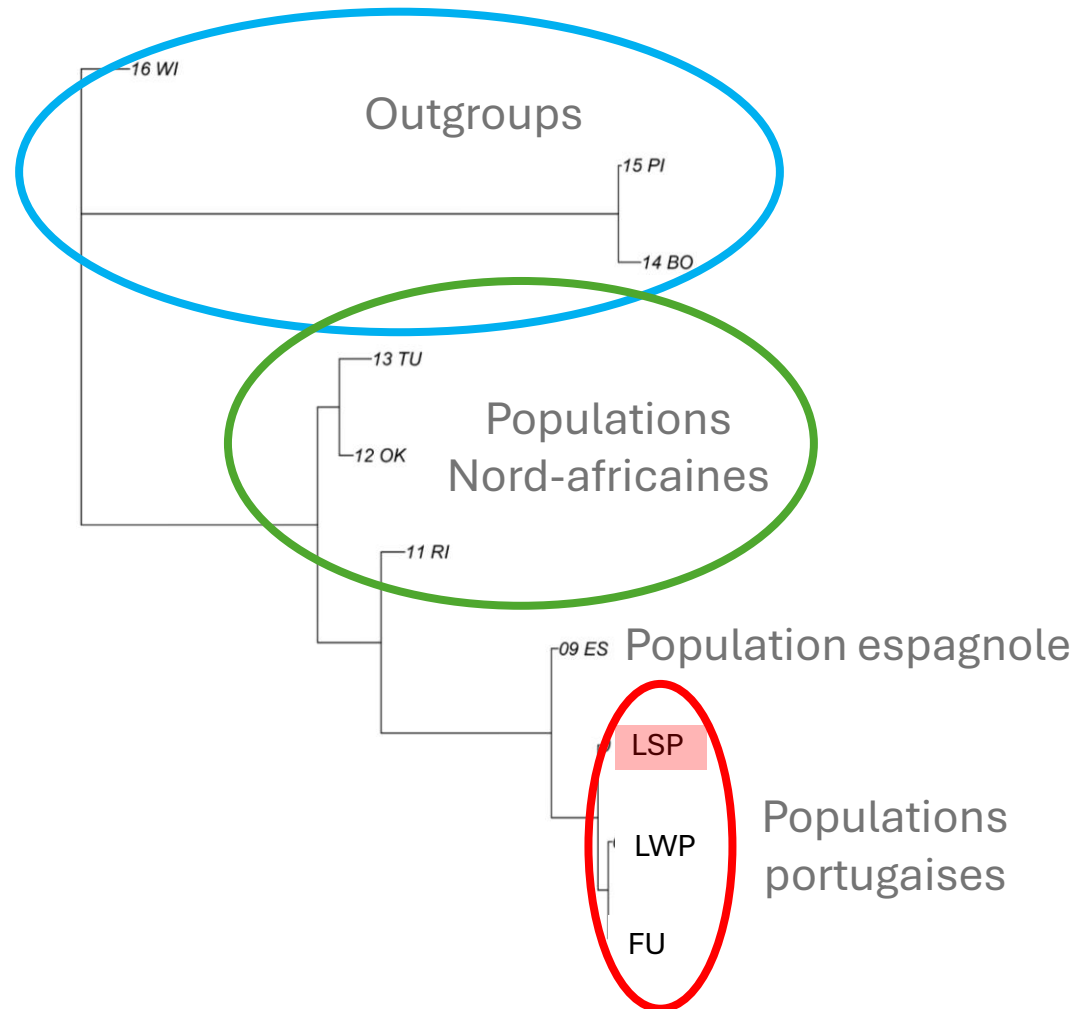
LSP : pop.
allochronique,
sympatrique avec **LWP**



et d'individus de groupes
externes

Divergence en sympatrie de la population allochronique

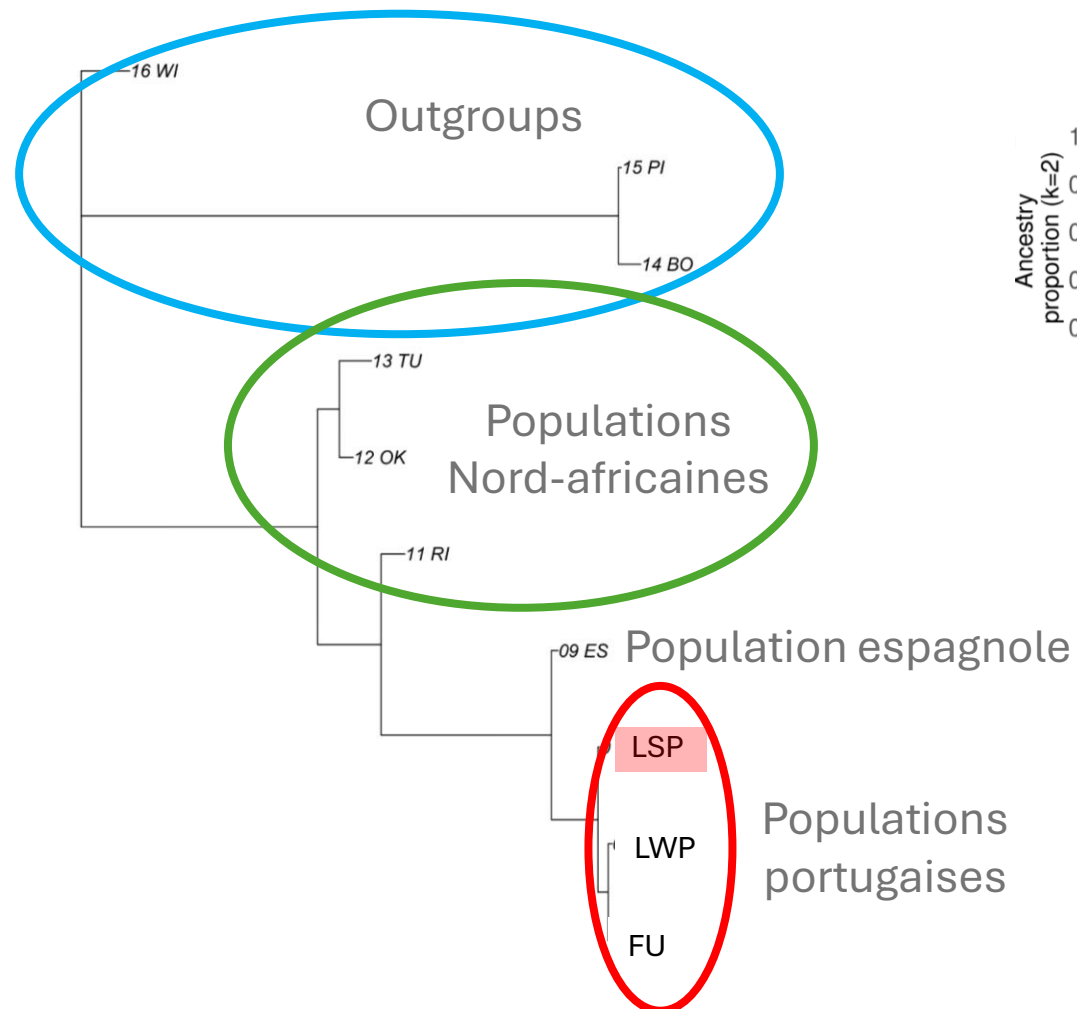
Arbre de distance basé sur la matrice de d_{xy} calculée sur les autosomes



→ origine locale sympatrique de LSP étant donné sa faible divergence absolue

Divergence en sympatrie de la population allochronique

Arbre de distance basé sur la matrice de d_{xy} calculée sur les autosomes



$$F_{ST} \text{ LSP vs. LWP} = 0.259$$

Deux « clusters » génétiques différents entre les deux phénologies



- origine locale sympatrique de LSP étant donné sa faible divergence absolue
- Fort isolement reproducteur de LSP qui suggère sa forte différenciation

Reconstruction de l'histoire démographique

Choisir le **meilleur scenario** et estimer **les paramètres** de ce scénario

ABCRF

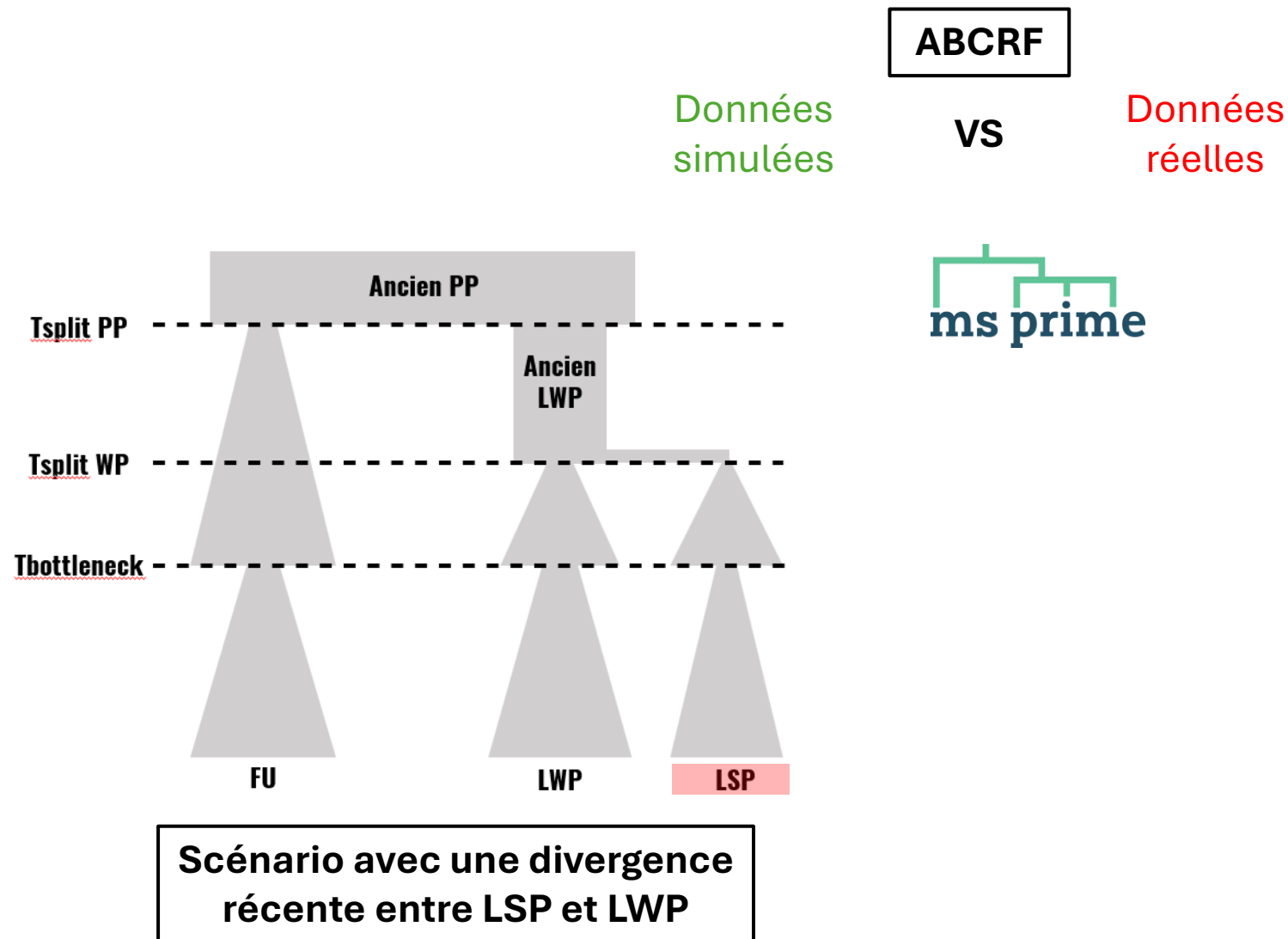
Données
simulées

VS

Données
réelles

Reconstruction de l'histoire démographique

Choisir le **meilleur scénario** et estimer **les paramètres** de ce scénario



Reconstruction de l'histoire démographique

Choisir le **meilleur scénario** et estimer **les paramètres** de ce scénario

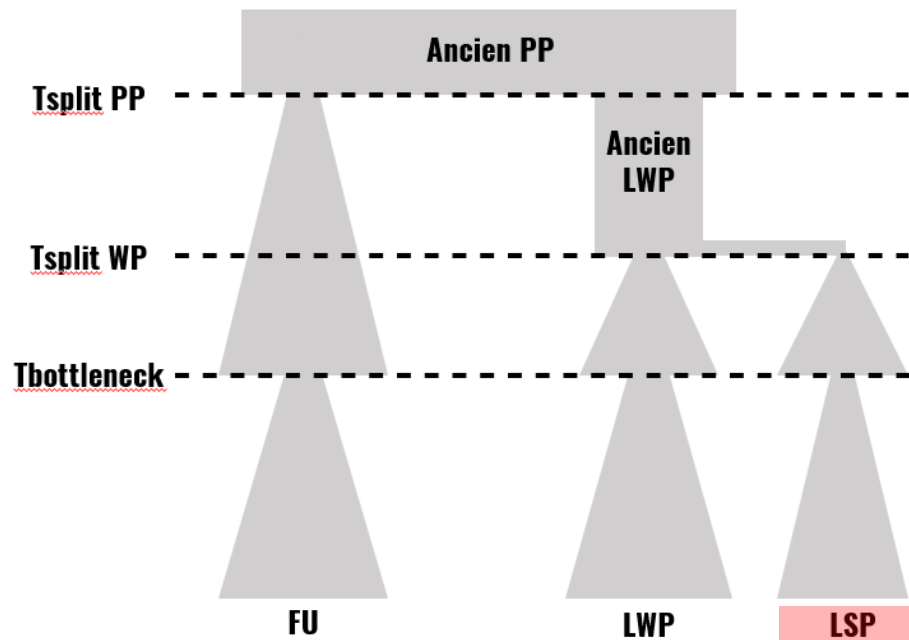
ABCRF

VS

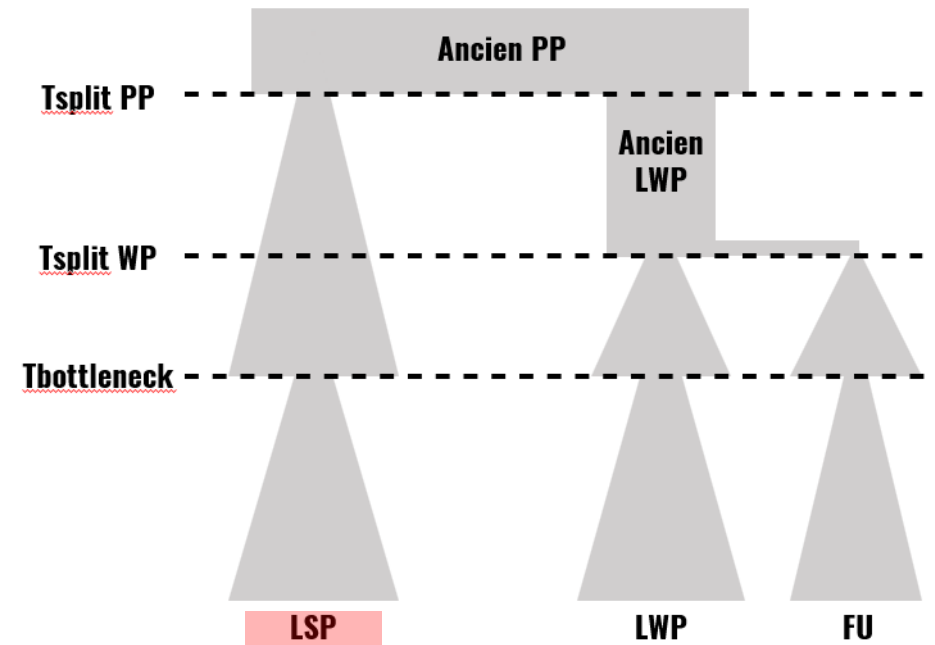
Données
simulées

Données
réelles

ms prime



Scénario avec une divergence
récente entre LSP et LWP



Scénario avec une divergence
ancienne entre LSP et LWP

Reconstruction de l'histoire démographique

Choisir le **meilleur scénario** et estimer **les paramètres** de ce scénario

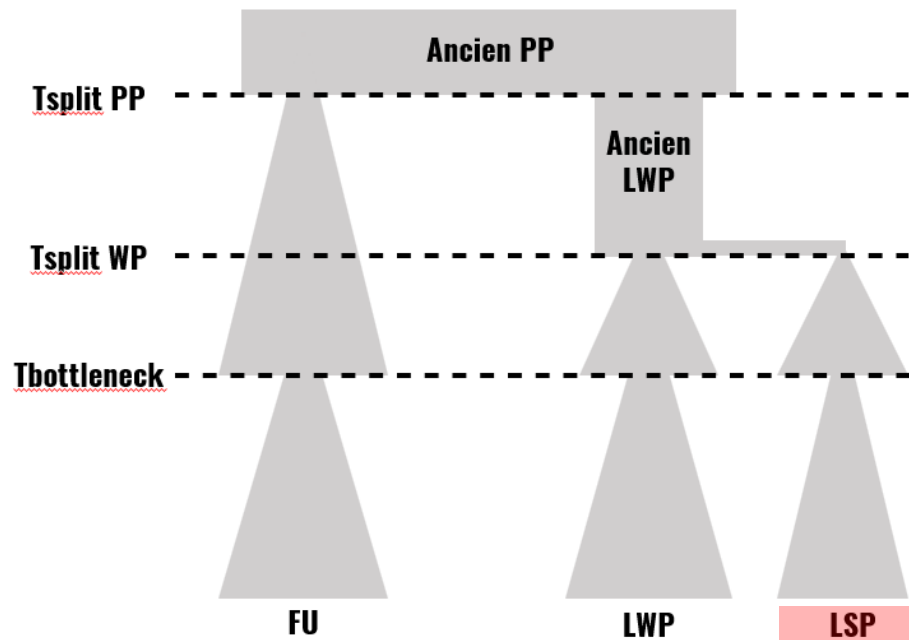
ABCRF

VS

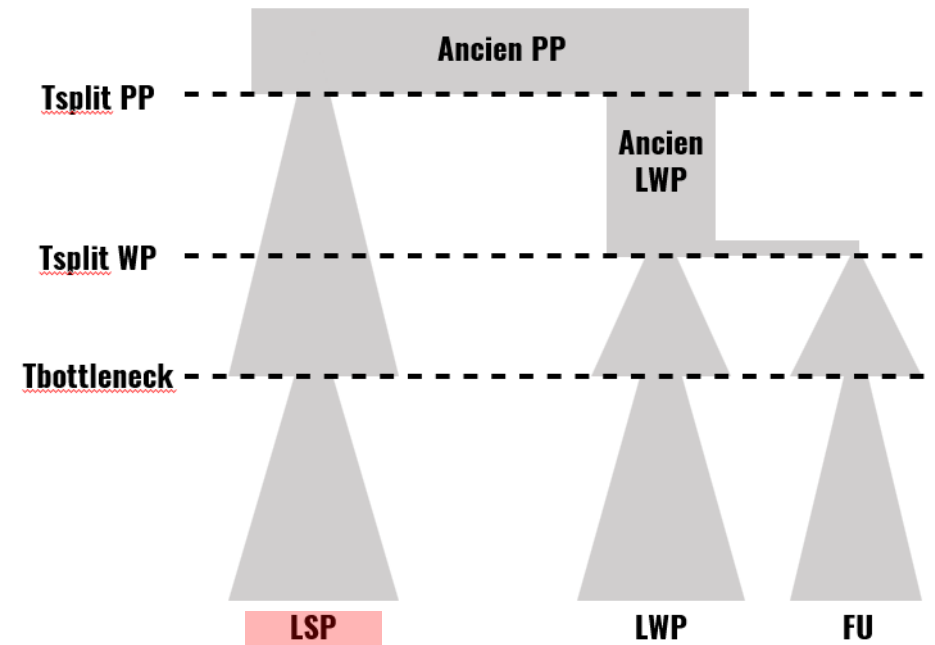
Données
simulées

Données
réelles

ms prime



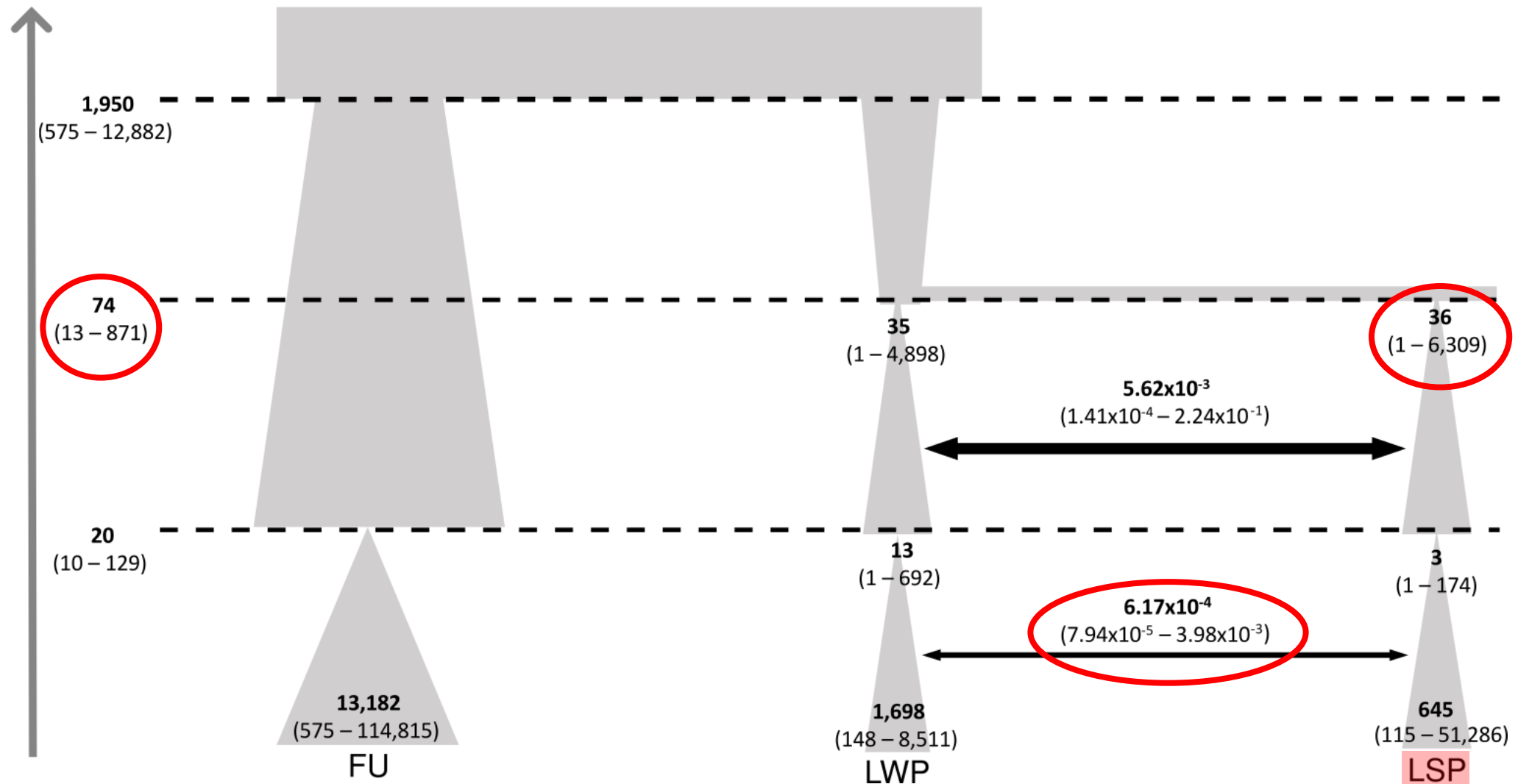
Scénario avec une divergence
récente entre LSP et LWP



Scénario avec une divergence
ancienne entre LSP et LWP

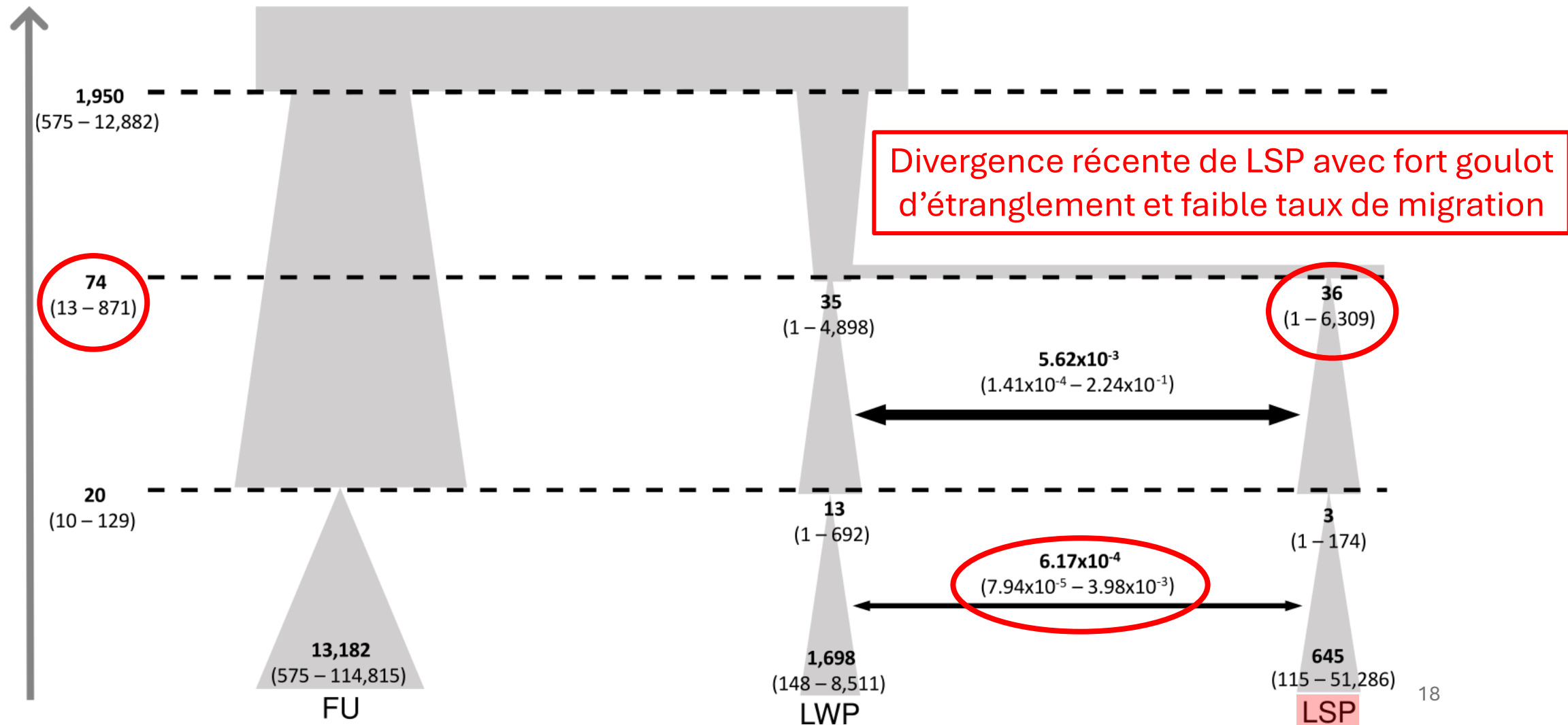
Reconstruction de l'histoire démographique

Choisir le **meilleur scénario** et estimer **les paramètres** de ce scénario

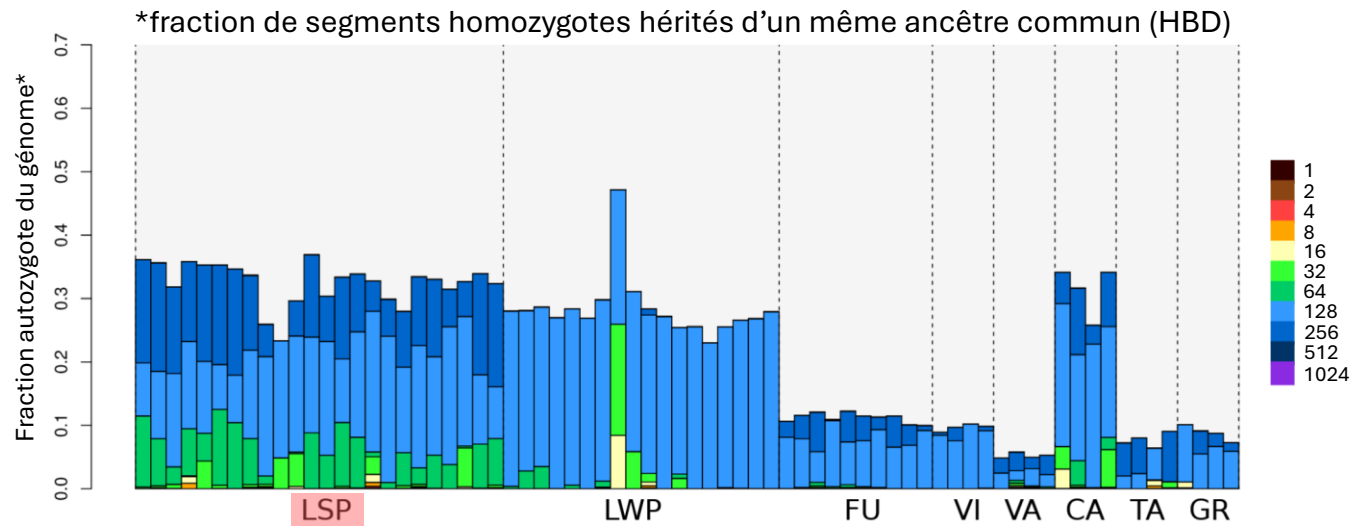


Reconstruction de l'histoire démographique

Choisir le **meilleur scénario** et estimer **les paramètres** de ce scénario

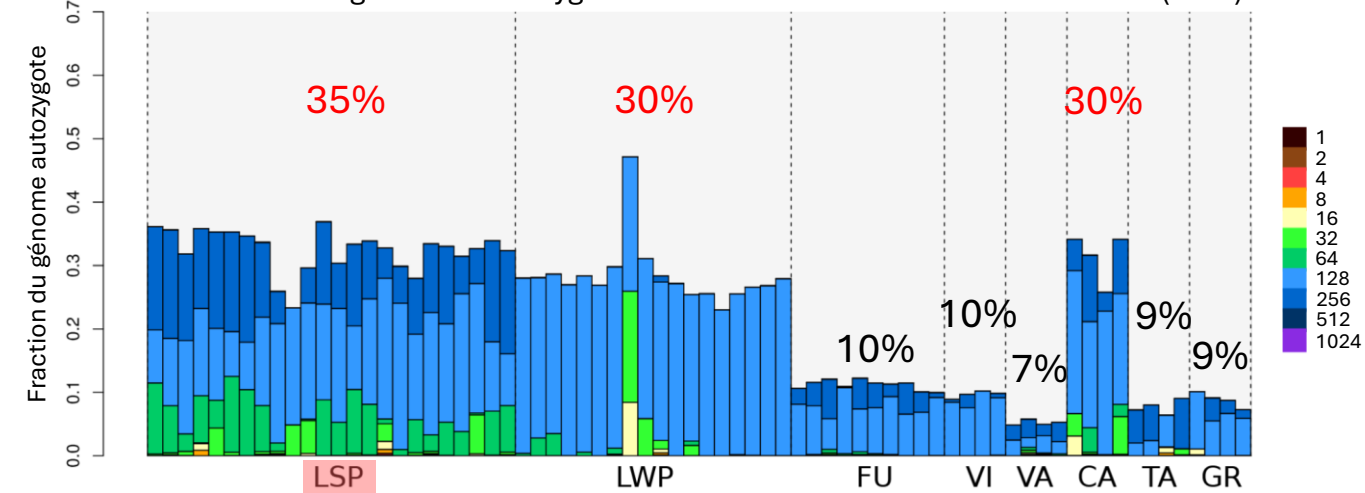


Une forte consanguinité et une faible taille efficace

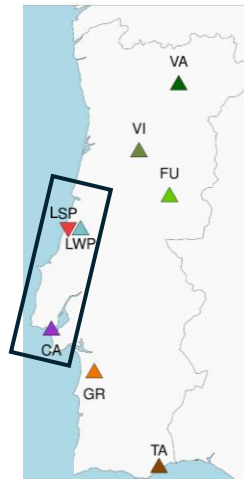


Une forte consanguinité et une faible taille efficace

*fraction de segments homozygotes hérités d'un même ancêtre commun (HBD)

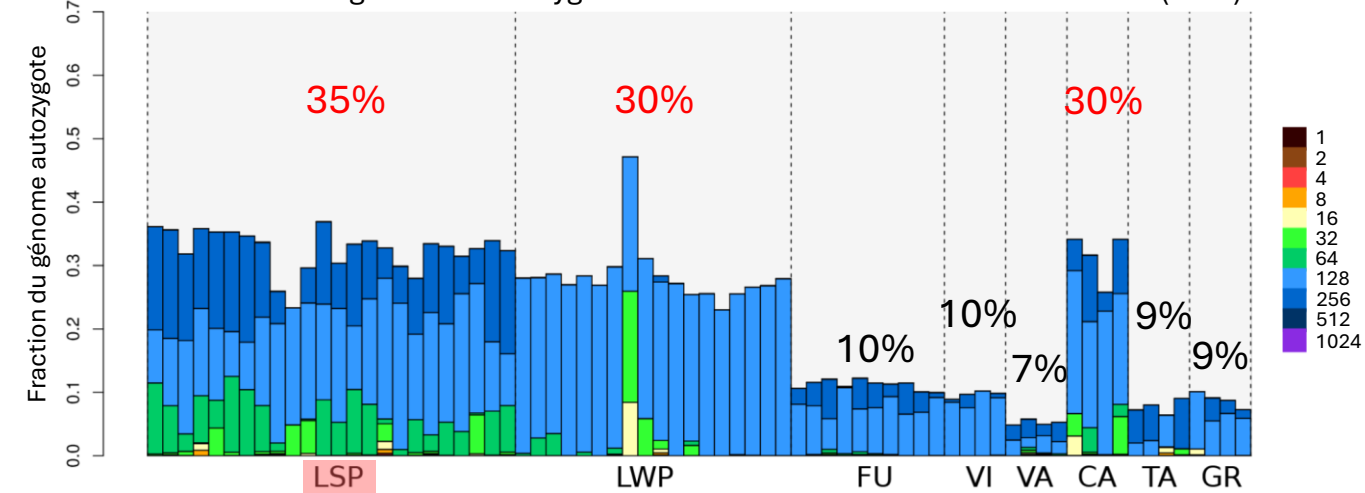


Fort niveau de consanguinité chez la population allochronique et les populations de la côte (LSP, LWP et CA)



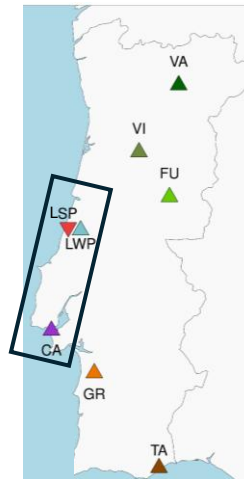
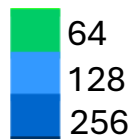
Une forte consanguinité et une faible taille efficace

*fraction de segments homozygotes hérités d'un même ancêtre commun (HBD)



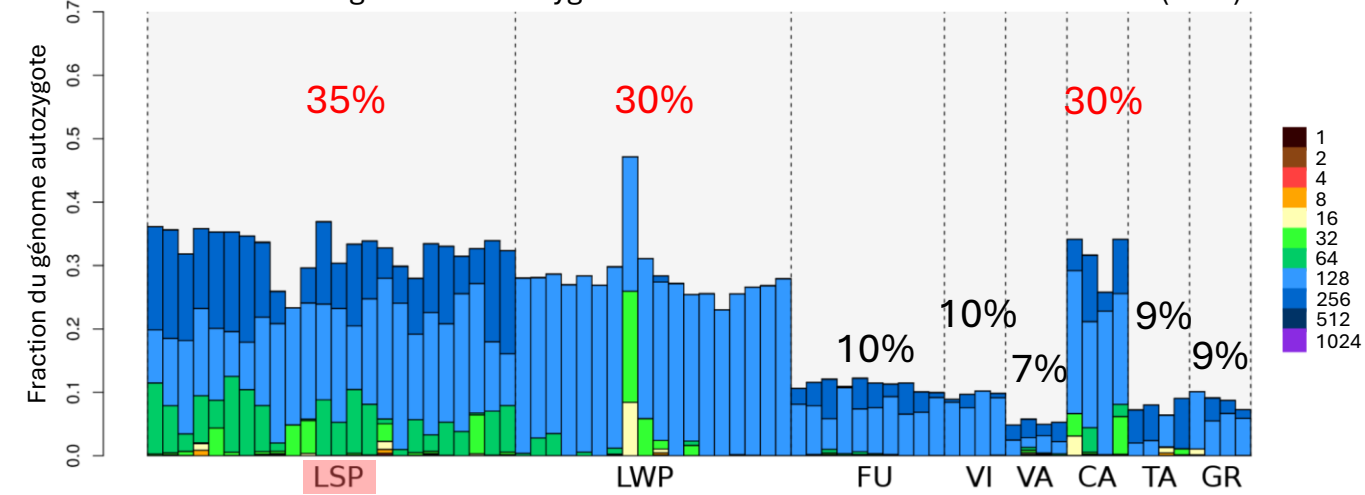
Fort niveau de consanguinité chez la population allochronique et les populations de la côte (LSP, LWP et CA)

La majorité des segments HBD sont associés à des ancêtres ayant vécu il y a 64 à 256 générations



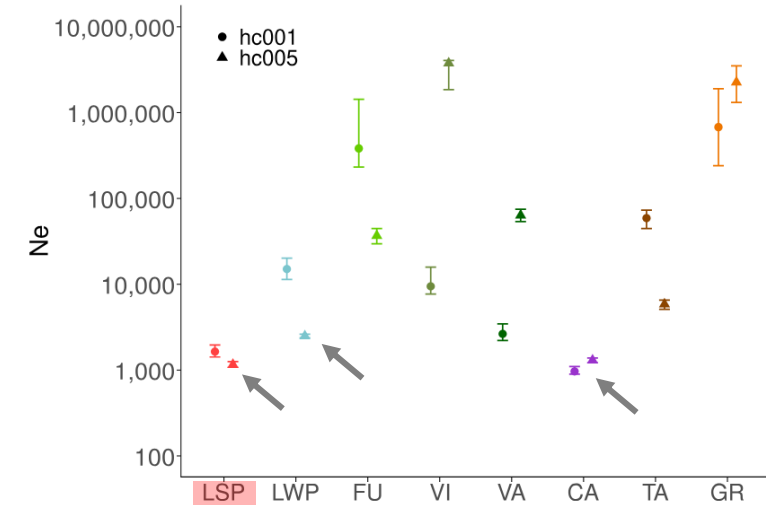
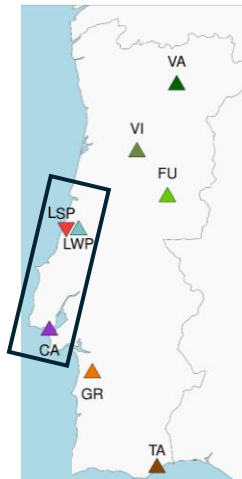
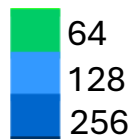
Une forte consanguinité et une faible taille efficace

*fraction de segments homozygotes hérités d'un même ancêtre commun (HBD)



Fort niveau de consanguinité chez la population allochronique et les populations de la côte (LSP, LWP et CA)

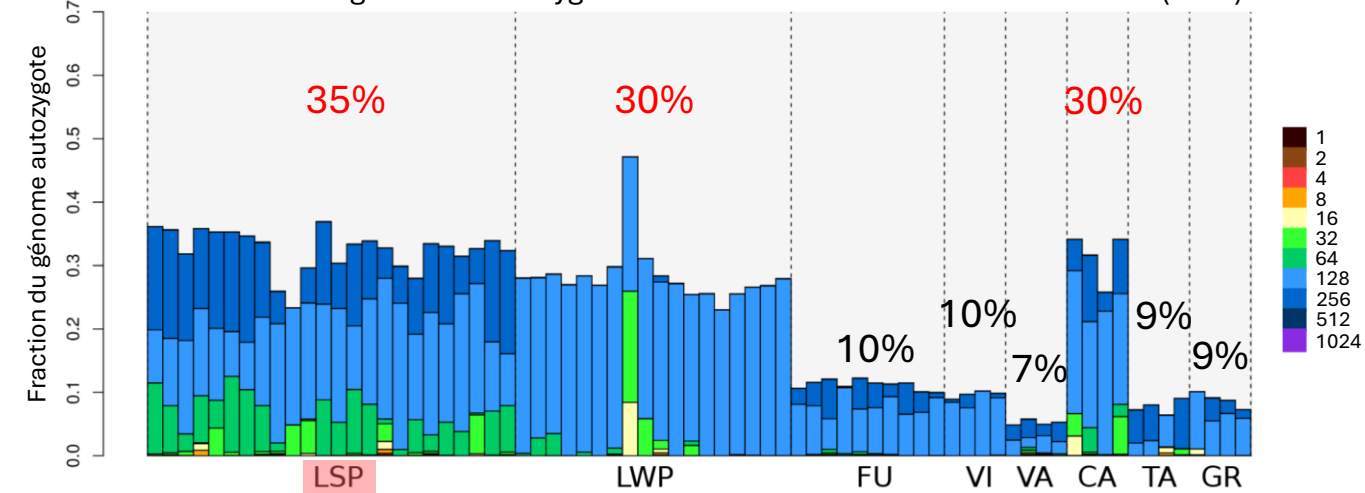
La majorité des segments HBD sont associés à des ancêtres ayant vécu il y a 64 à 256 générations



Les populations LSP, LWP et CA présentent des faibles tailles efficaces (N_e) contemporaines (40 dernières générations)

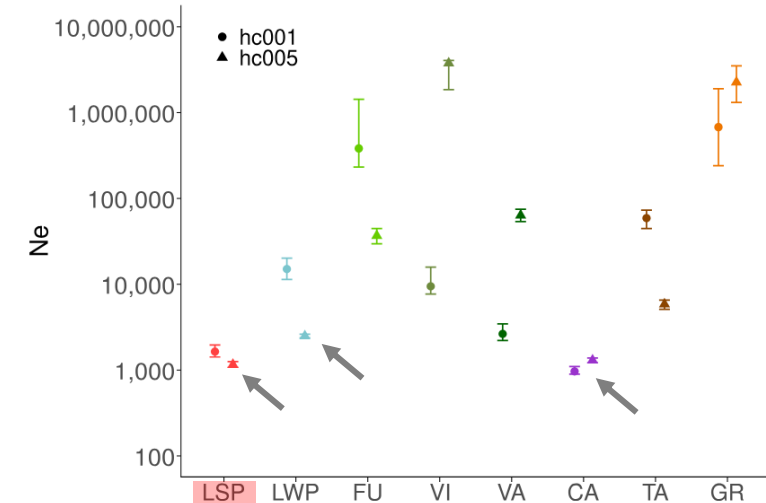
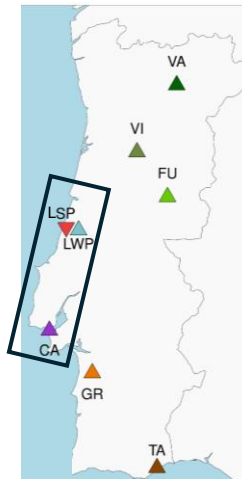
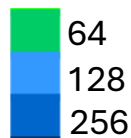
Une forte consanguinité et une faible taille efficace

*fraction de segments homozygotes hérités d'un même ancêtre commun (HBD)



Fort niveau de consanguinité chez la population allochronique et les populations de la côte (LSP, LWP et CA)

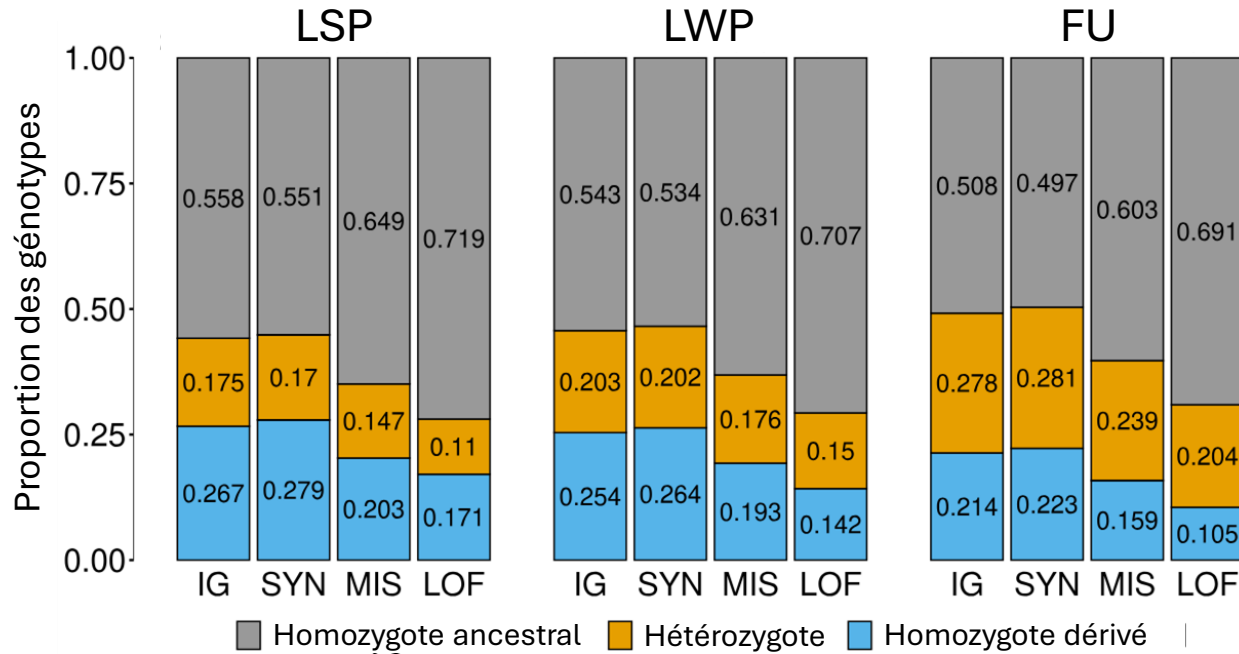
La majorité des segments HBD sont associés à des ancêtres ayant vécu il y a 64 à 256 générations



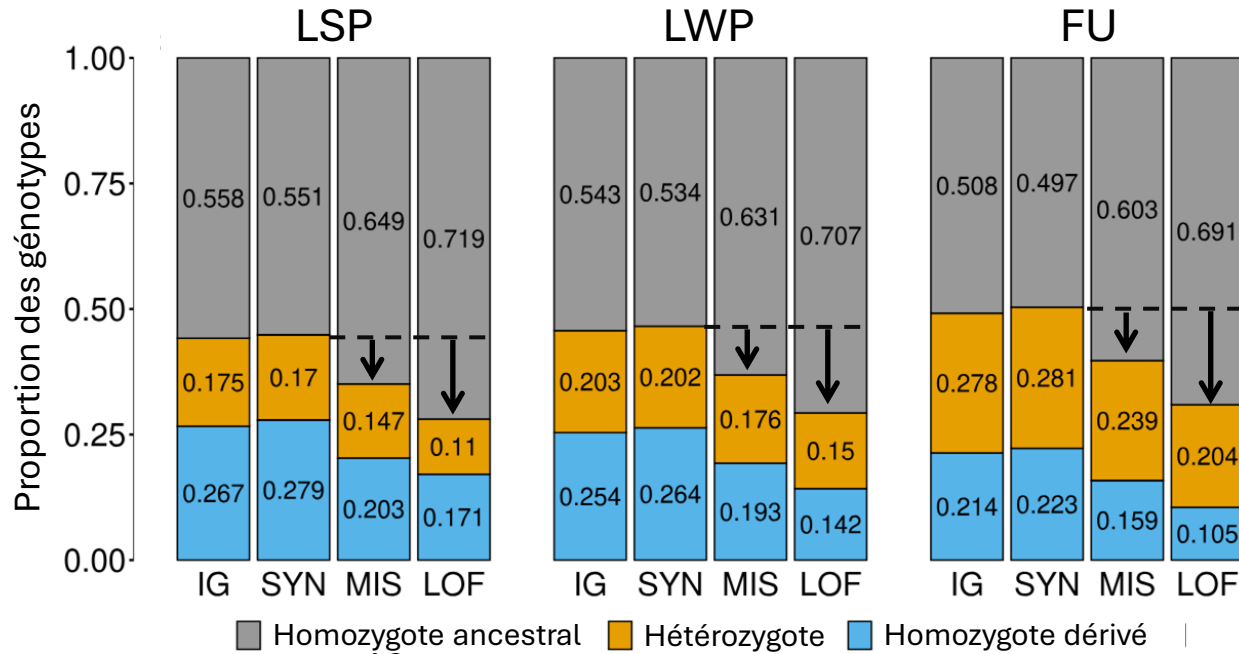
Les populations LSP, LWP et CA présentent des faibles tailles efficaces (N_e) contemporaines (40 dernières générations)

Les forts niveaux de consanguinité et faibles tailles efficaces dans LSP, LWP et CA reflètent une histoire similaire (facteur écologiques communs ?)

Conséquences génomiques sur le fardeau génétique

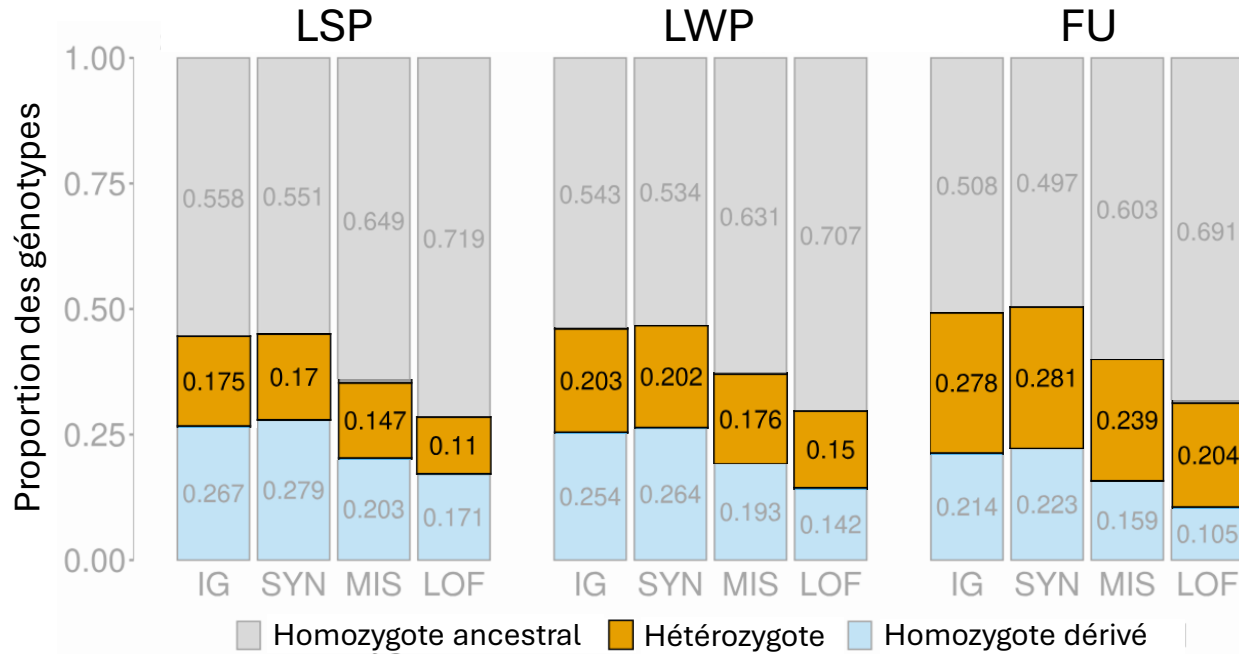


Conséquences génomiques sur le fardeau génétique



Effet de la sélection purificatrice

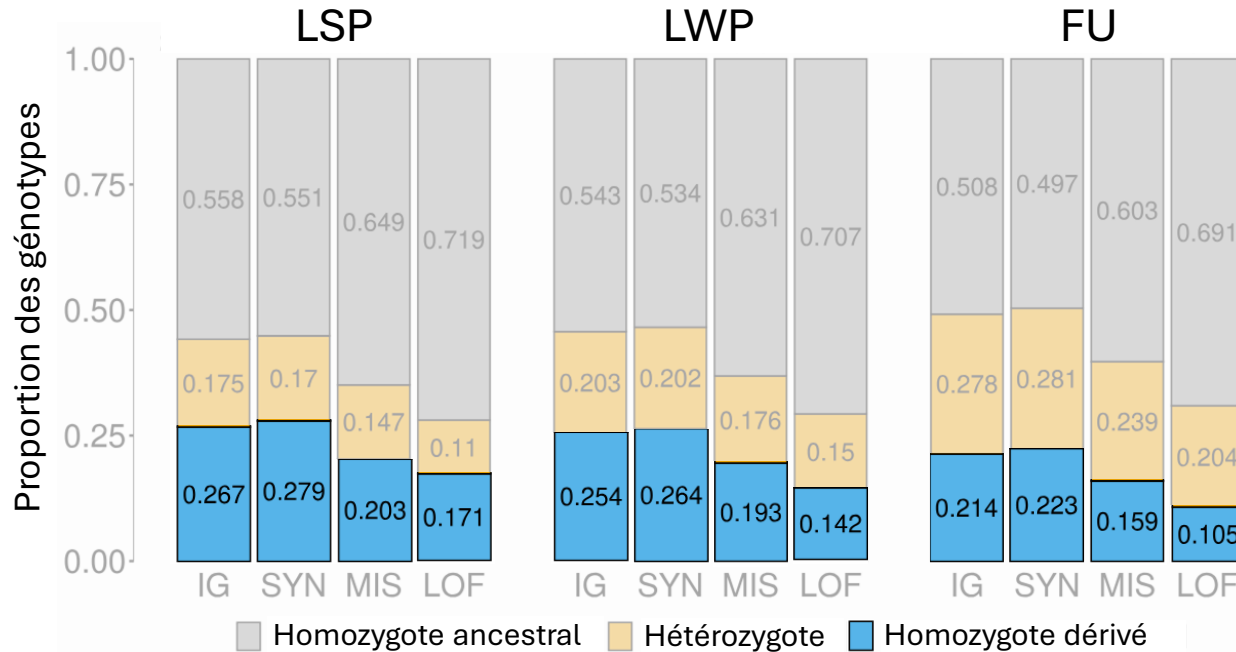
Conséquences génomiques sur le fardeau génétique



Effet de la sélection purificatrice

La population allochronique présente moins de fardeau masqué pour toutes les catégories

Conséquences génomiques sur le fardeau génétique

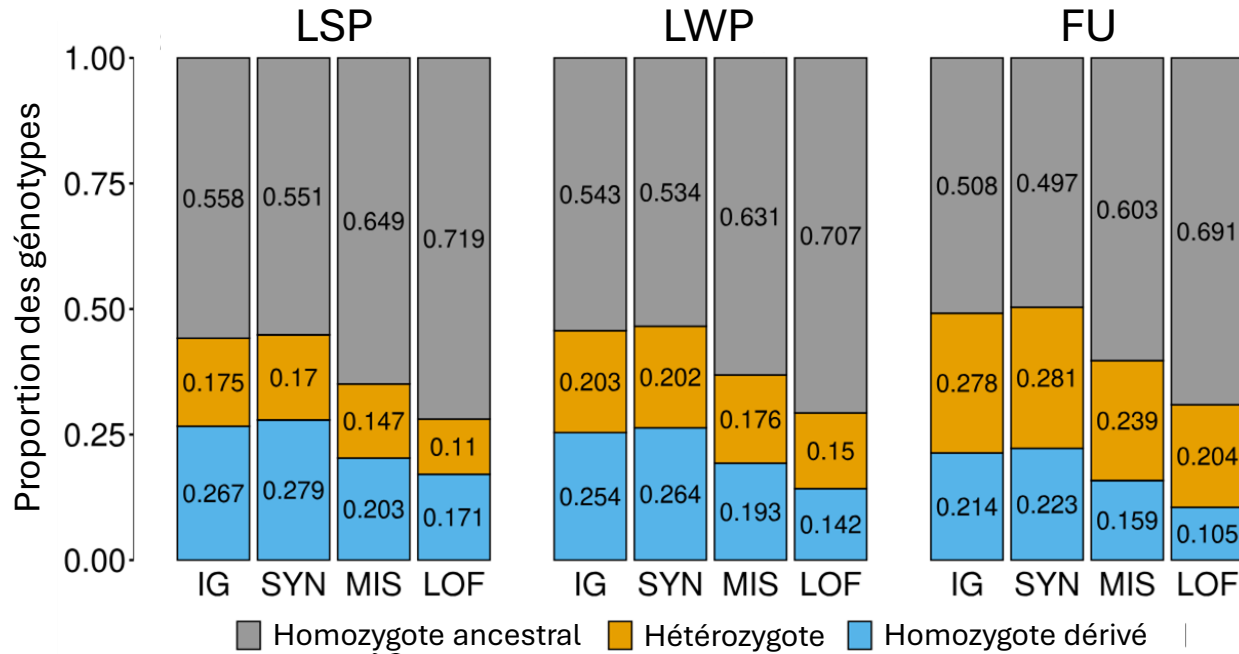


Effet de la sélection purificatrice

La population allochronique présente moins de fardeau masqué pour toutes les catégories

La population allochronique présente plus de fardeau réalisé pour toutes les catégories

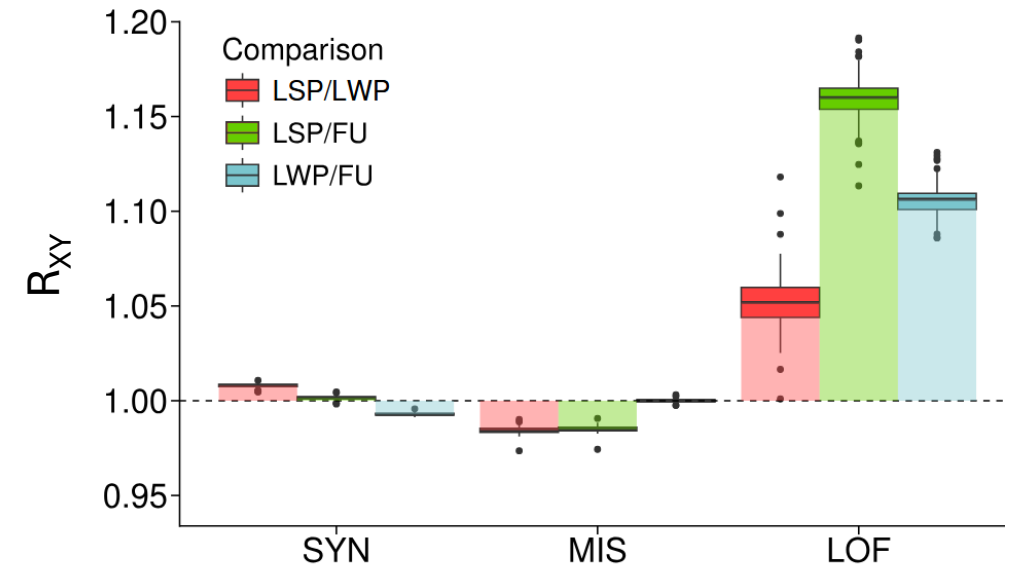
Conséquences génomiques sur le fardeau génétique



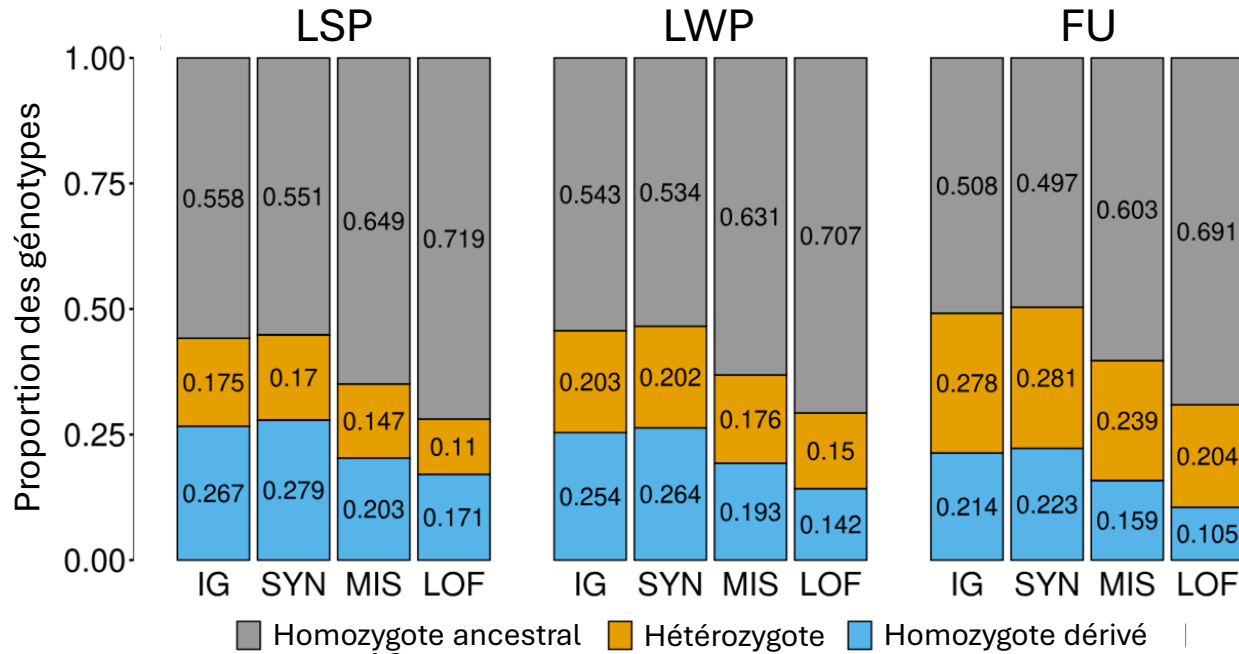
Effet de la sélection purificatrice

La population allochronique présente moins de fardeau masqué pour toutes les catégories

La population allochronique présente plus de fardeau réalisé pour toutes les catégories



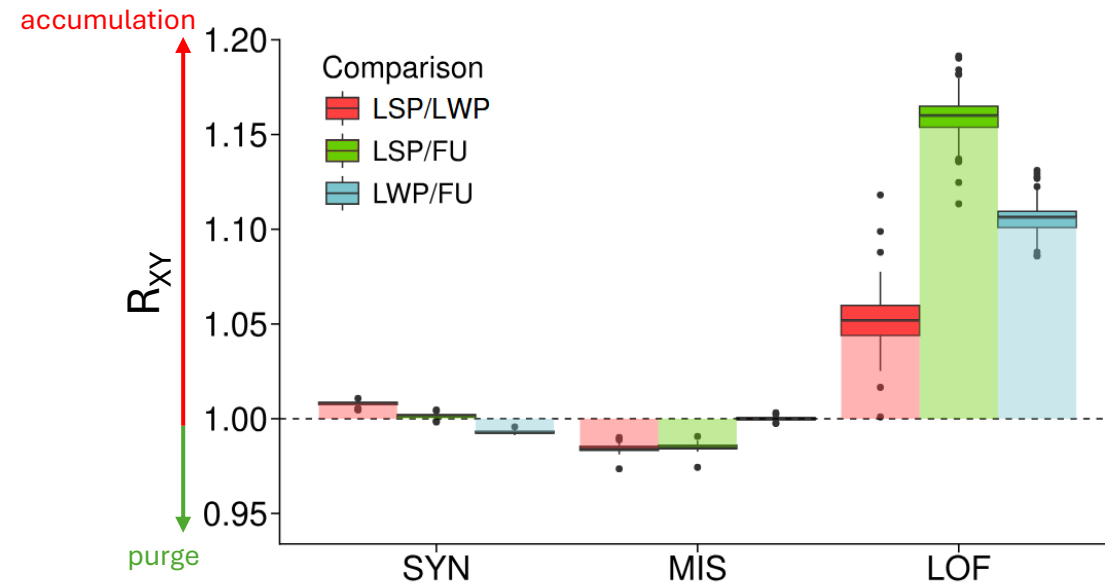
Conséquences génomiques sur le fardeau génétique



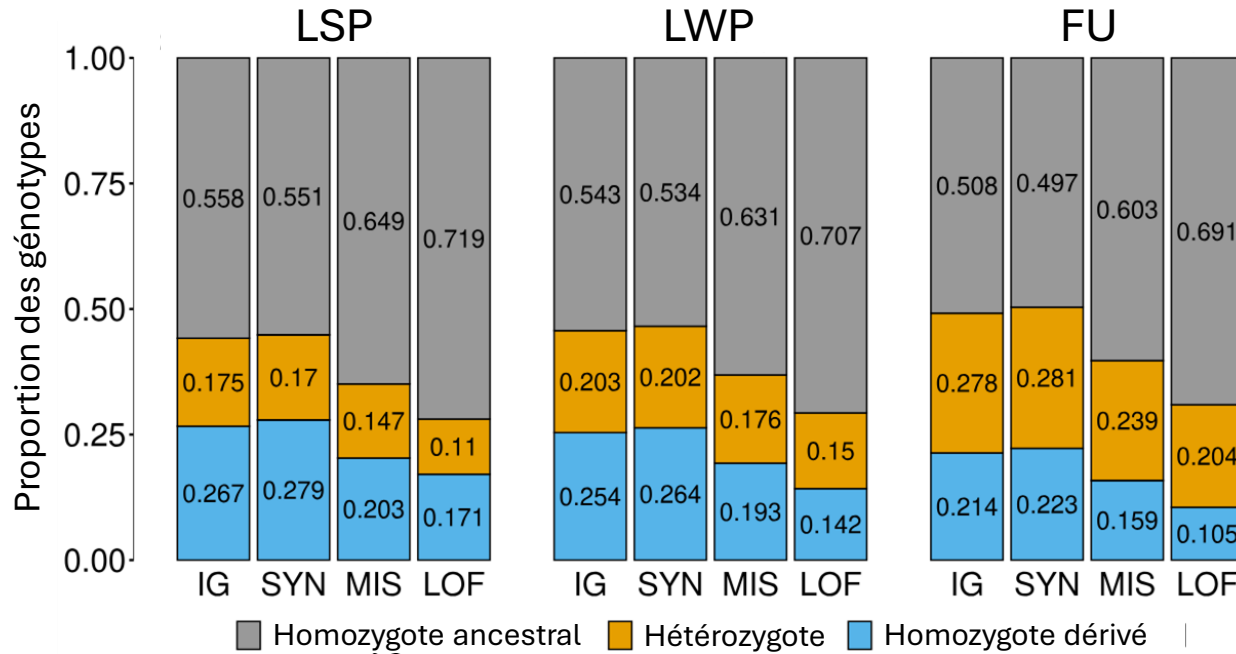
Effet de la sélection purificatrice

La population allochronique présente moins de fardeau masqué pour toutes les catégories

La population allochronique présente plus de fardeau réalisé pour toutes les catégories



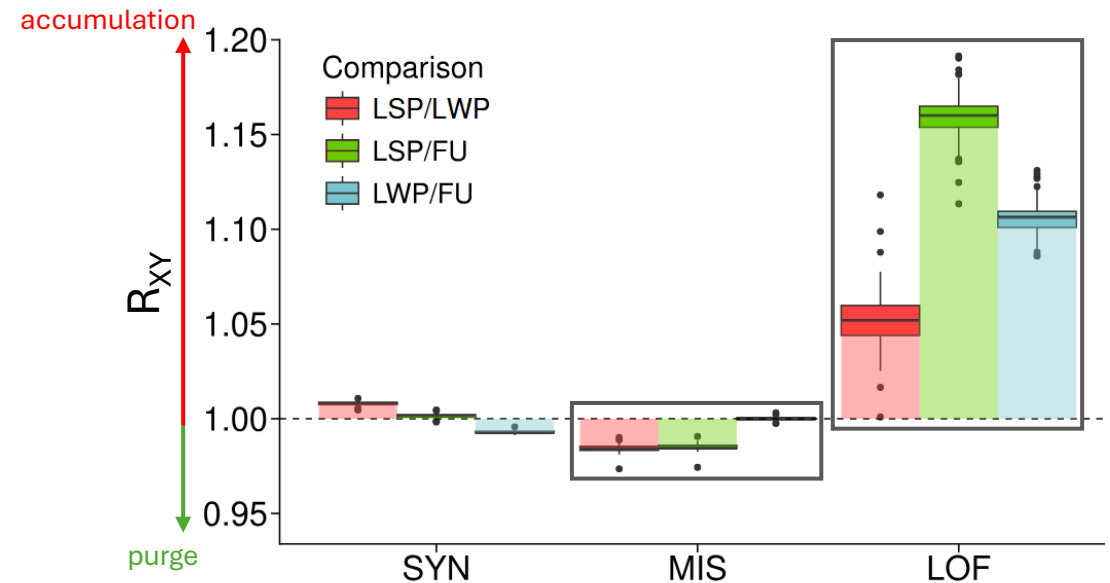
Conséquences génomiques sur le fardeau génétique



Effet de la sélection purificatrice

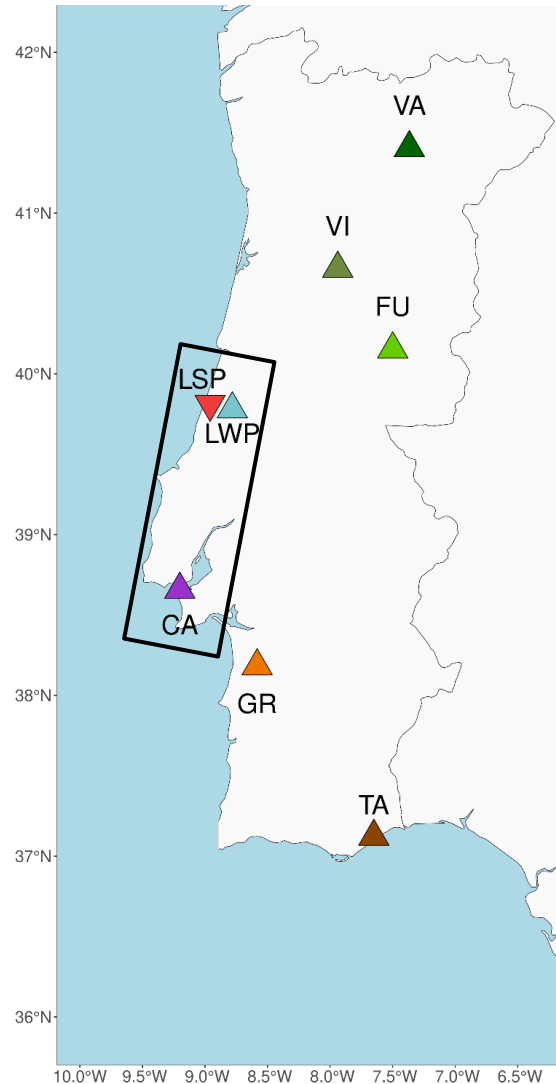
La population allochronique présente moins de fardeau masqué pour toutes les catégories

La population allochronique présente plus de fardeau réalisé pour toutes les catégories



Pas d'accumulation de mutations moyennement délétères chez LSP par rapport à LWP et FU et accumulation de LOF dans LSP et LWP par rapport à FU

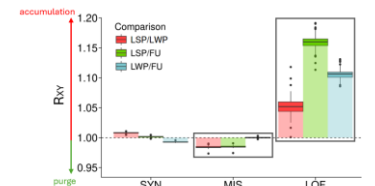
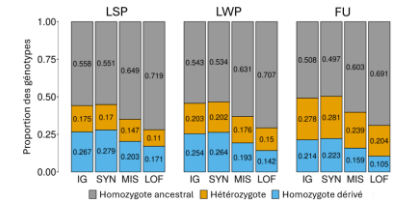
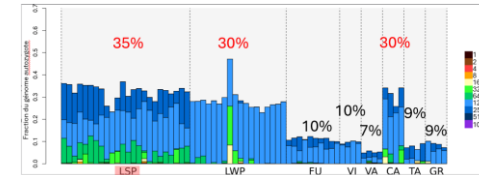
Conclusions chapitre 1



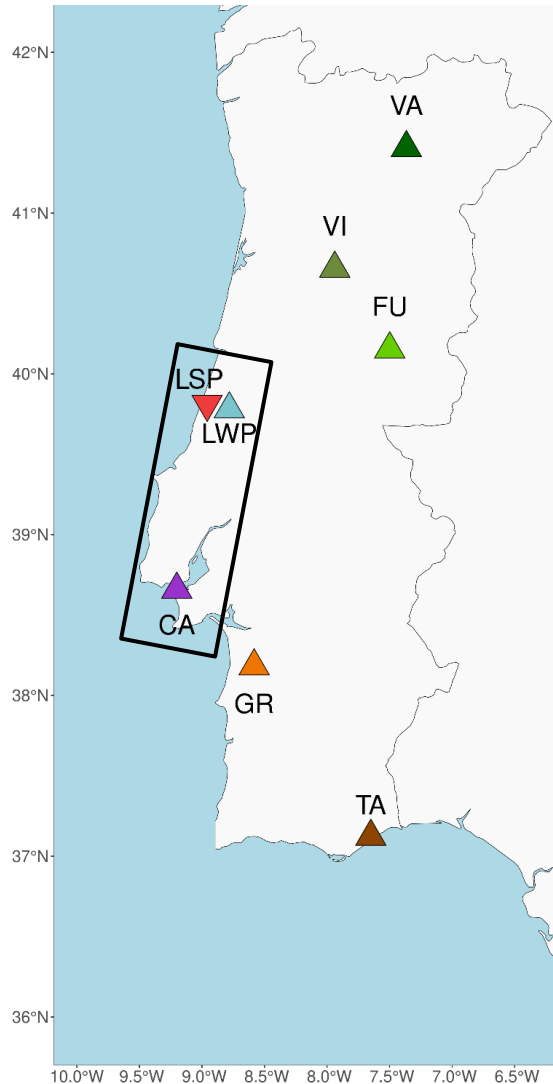
Scénario hypothétique

Un facteur commun a entraîné l'isolement des populations côtières depuis environ 80 générations (Muller et al. 2025), ce qui a provoqué :

- Un fort goulot d'étranglement, une forte consanguinité et une réduction de taille efficace
- Une réduction de l'efficacité de la sélection entraînant une accumulation du fardeau réalisé
- Sans qu'il n'y ait apparemment de purge...ce qui questionne le maintien de la population allochronique



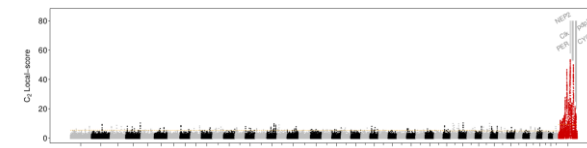
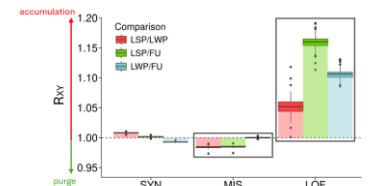
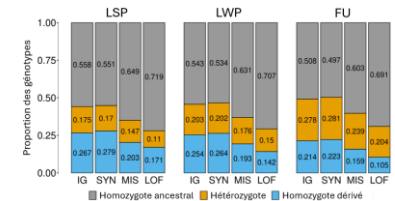
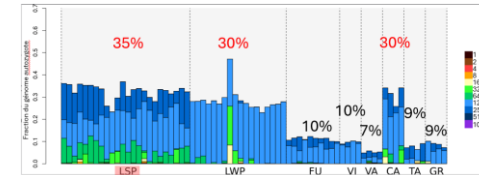
Conclusions chapitre 1



Scénario hypothétique

Un facteur commun a entraîné l'isolement des populations côtières depuis environ 80 générations (Muller et al. 2025), ce qui a provoqué :

- Un fort goulot d'étranglement, une forte consanguinité et une réduction de taille efficace
- Une réduction de l'efficacité de la sélection entraînant une accumulation du fardeau réalisé
- Sans qu'il n'y ait apparemment de purge...ce qui questionne le maintien de la population allochronique
- *Non présenté, une analyse du déterminisme génomique de l'allochronie*

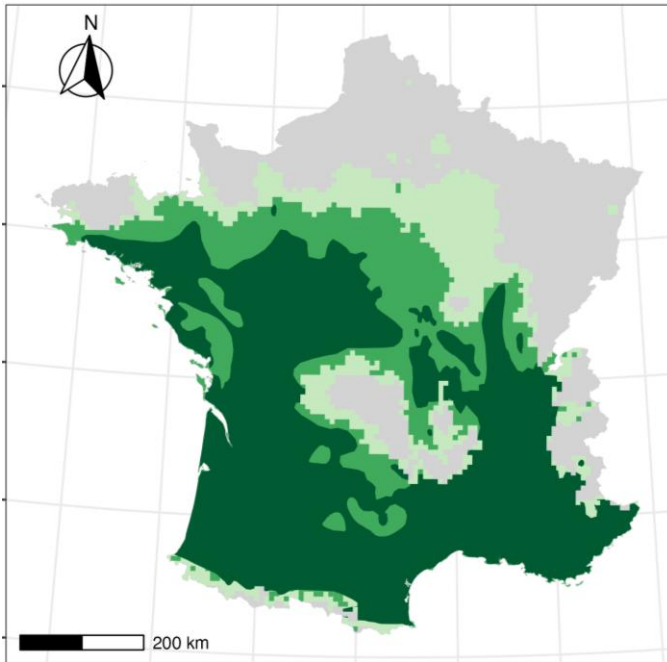


Chapitre 2

Génomique de l'expansion de la processionnaire du pin en Europe :
focus sur les processus d'érosion de la diversité neutre et de purge-
accumulation des mutations délétères

Objectifs du chapitre

Le long du gradient d'expansion de la PPM, les goulots d'étranglement successifs liés à l'expansion ont-ils:



- 1 réduit la diversité nucléotidique et la taille efficace ?
- 2 augmenté la consanguinité ?
- 3 augmenté le fardeau génétique réalisé ?
- 4 entraîné une purge des mutations à fort effet délétère ?

Un échantillonnage conséquent

Génome de référence au niveau
chromosomique

+

Une annotation

Un échantillonnage conséquent

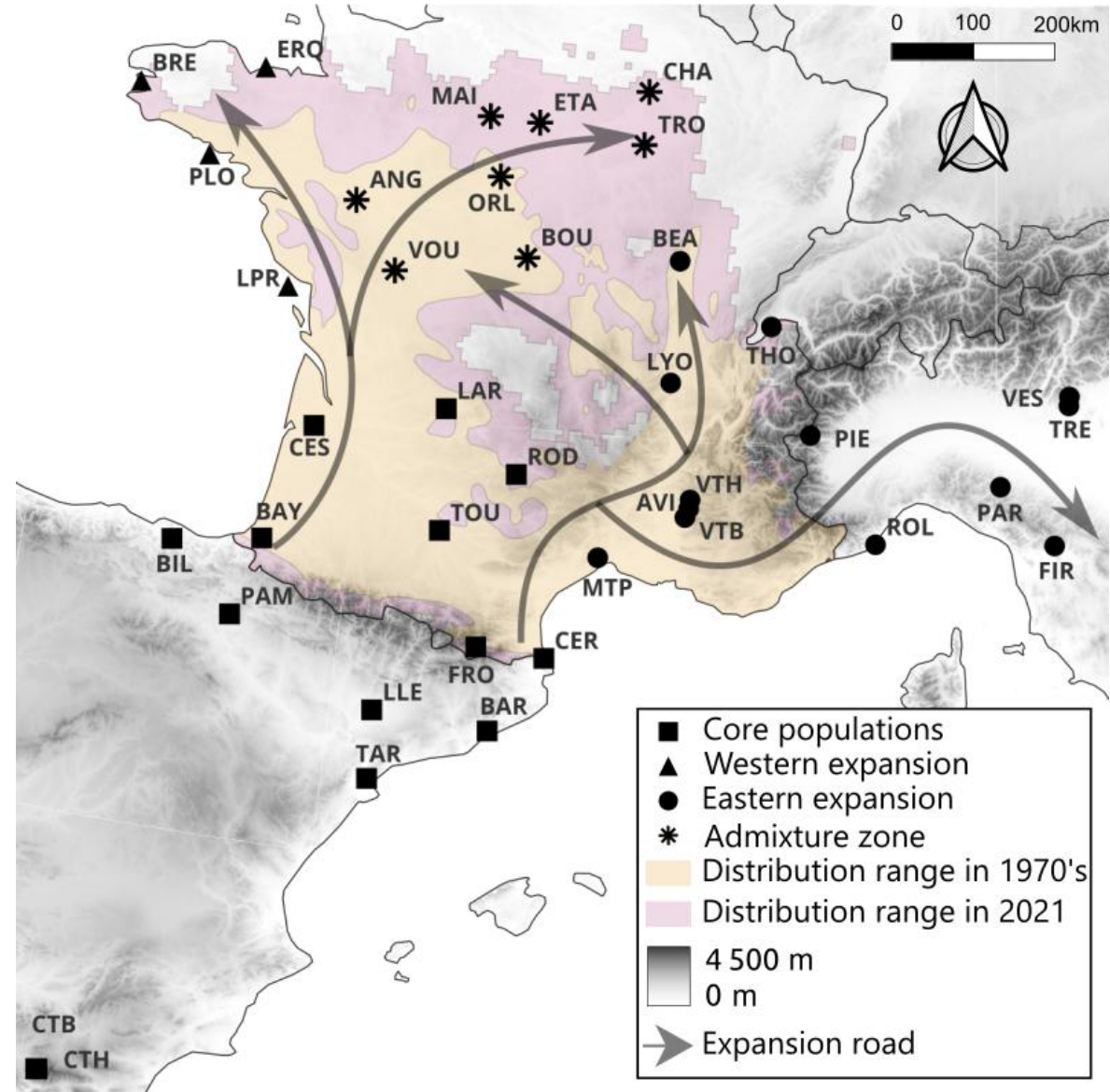
Génome de référence au niveau
chromosomique

+

Une annotation

+

Des données de reséquençage
individuel à haute profondeur
de 4 individus par population
pour 39 populations



Un échantillonnage conséquent

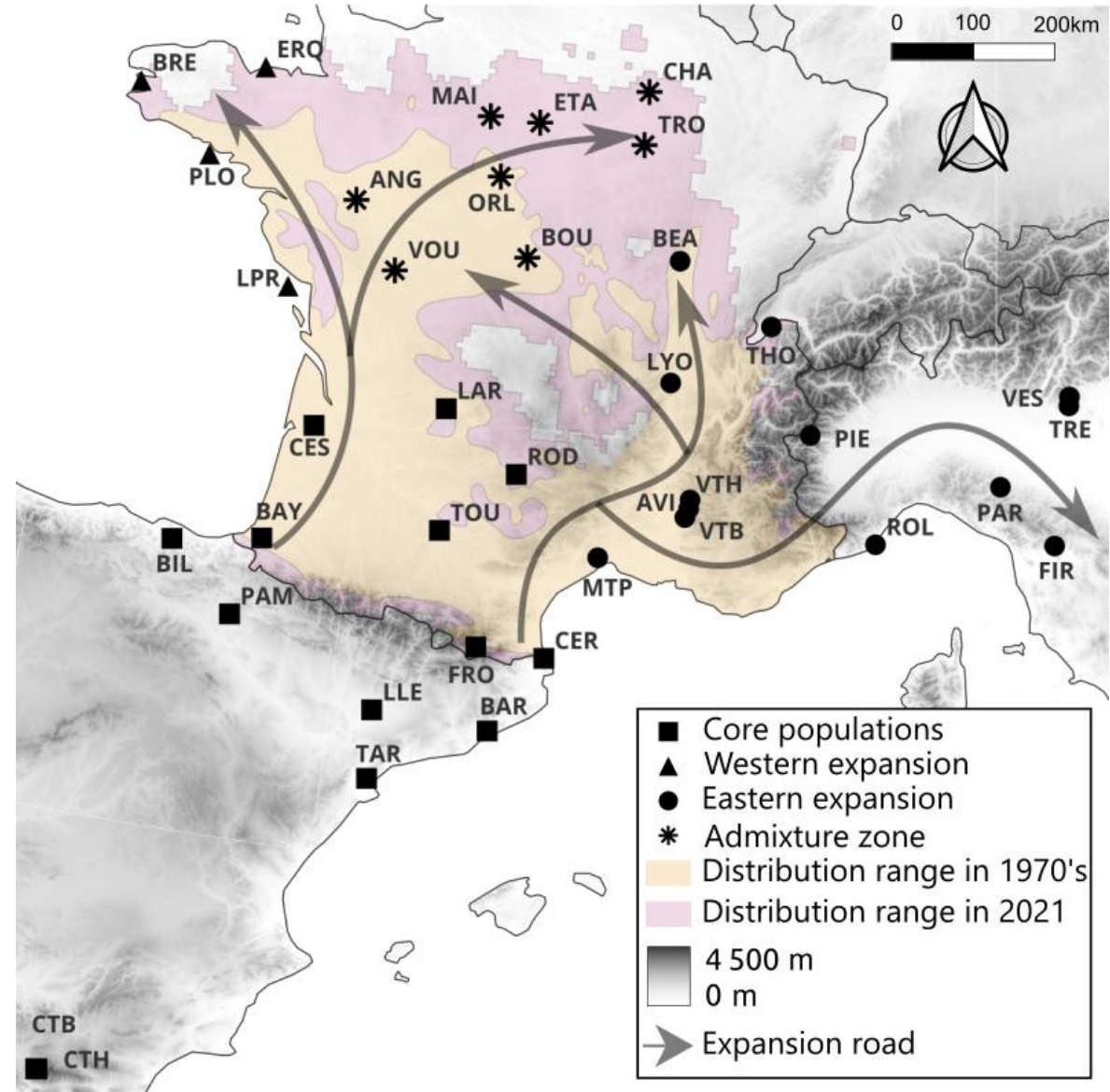
Génome de référence au niveau
chromosomique

+

Une annotation

+

Des données de reséquençage
individuel à haute profondeur
de 4 individus par population
pour 39 populations
le long de l'expansion



Un échantillonnage conséquent

Génome de référence au niveau
chromosomique

+

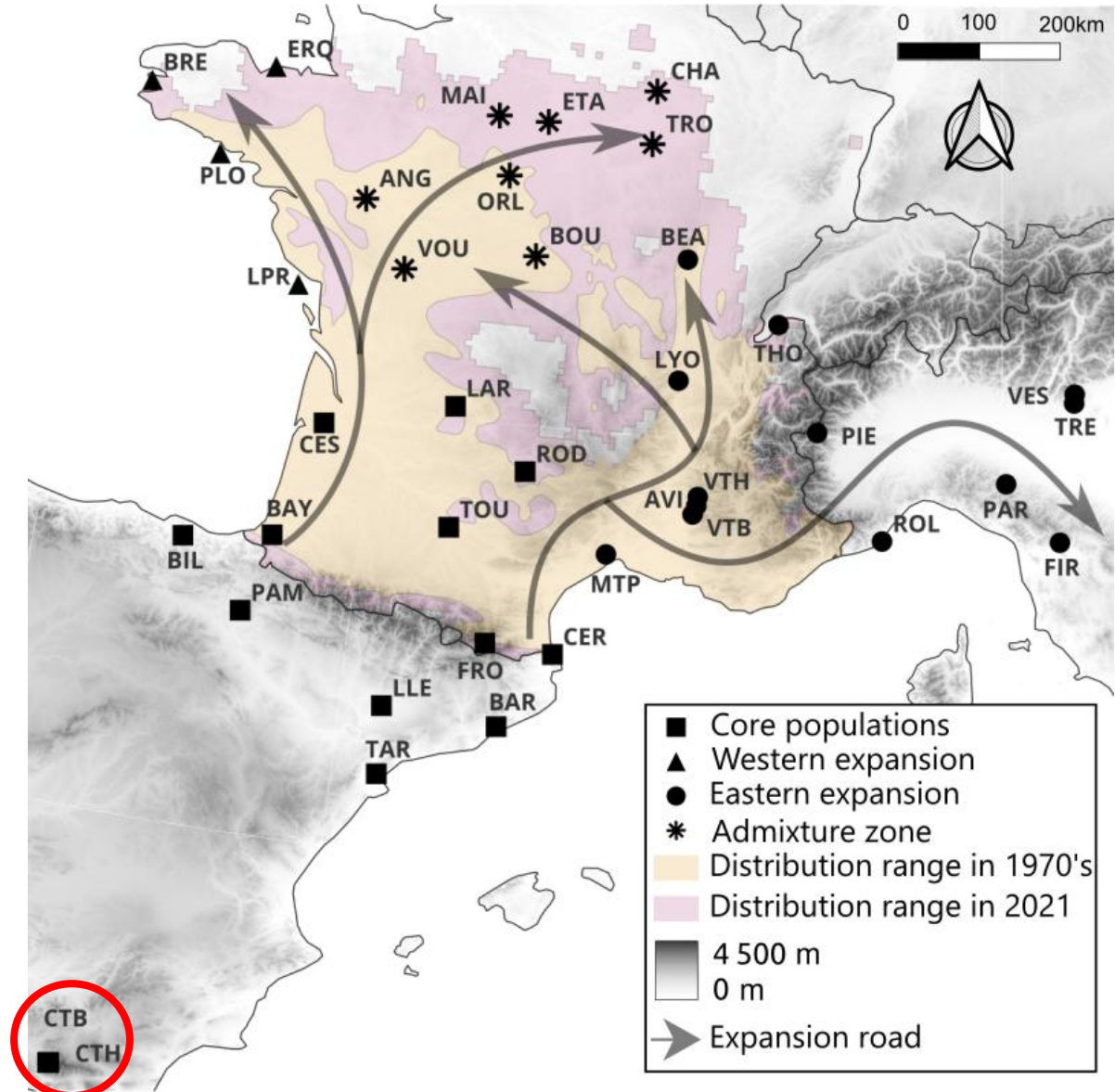
Une annotation

+

Des données de reséquençage
individuel à haute profondeur
de 4 individus par population
pour 39 populations

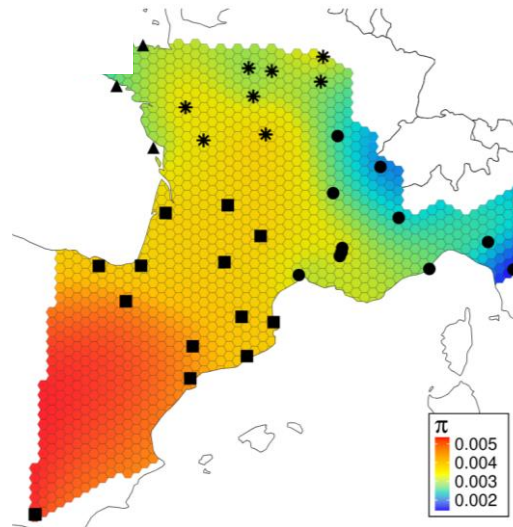
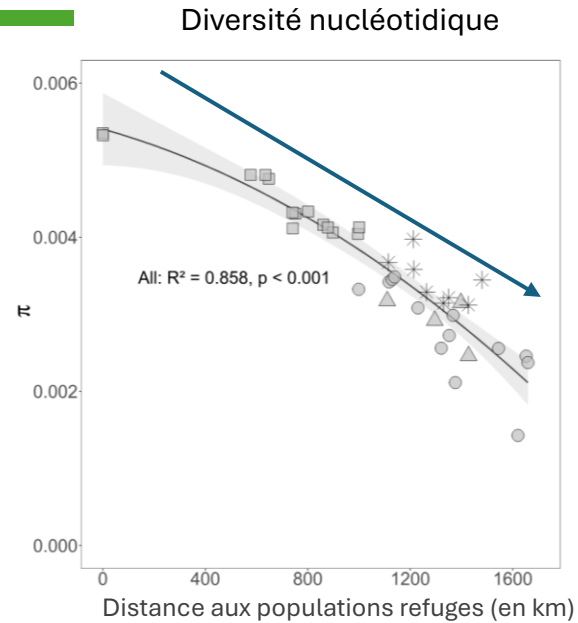
le long de l'expansion

La population CTB représente une
population refuge dans notre étude



Érosion de la diversité le long de l'expansion

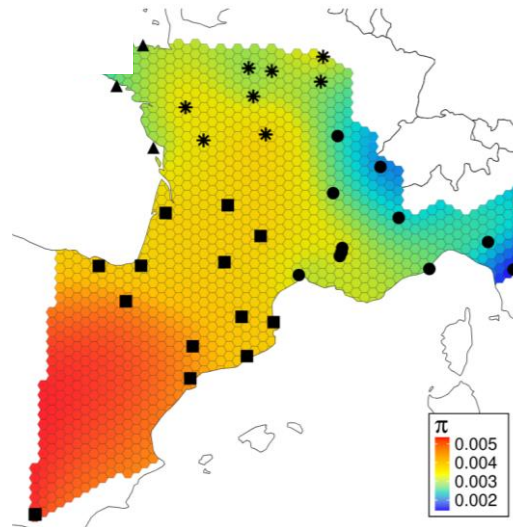
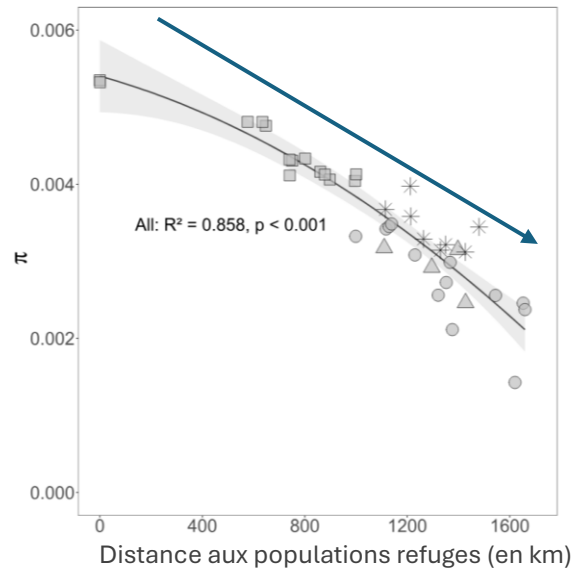
Érosion de la diversité le long de l'expansion



Baisse graduelle
de la diversité nucléotidique
le long du gradient d'expansion

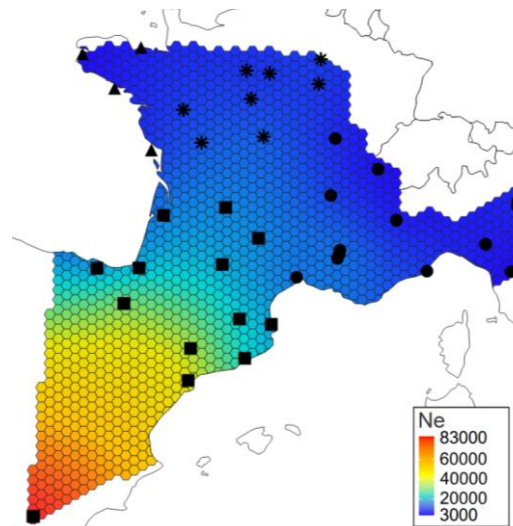
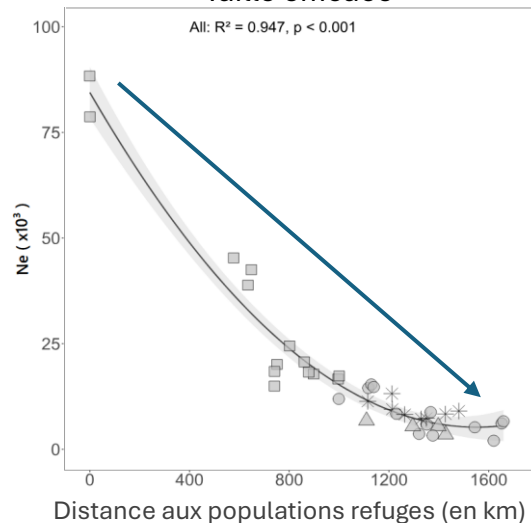
Érosion de la diversité le long de l'expansion

Diversité nucléotidique



Baisse graduelle
de la diversité nucléotidique
le long du gradient d'expansion

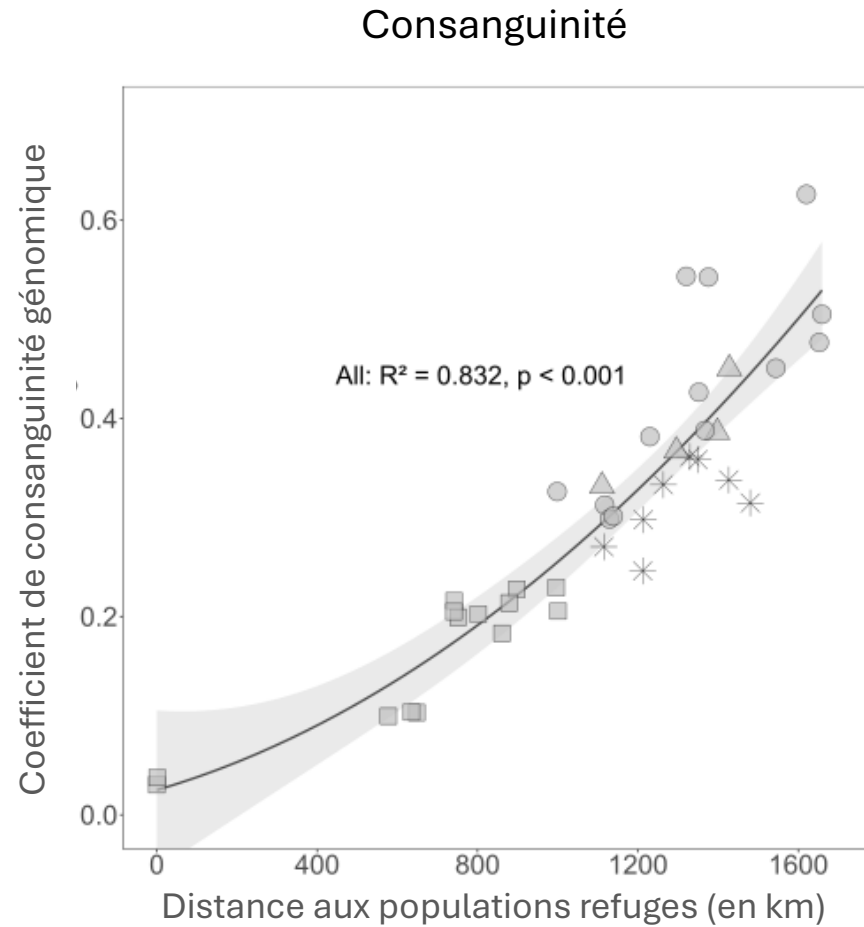
Taille efficace



Baisse graduelle
de la taille efficace
le long du gradient d'expansion

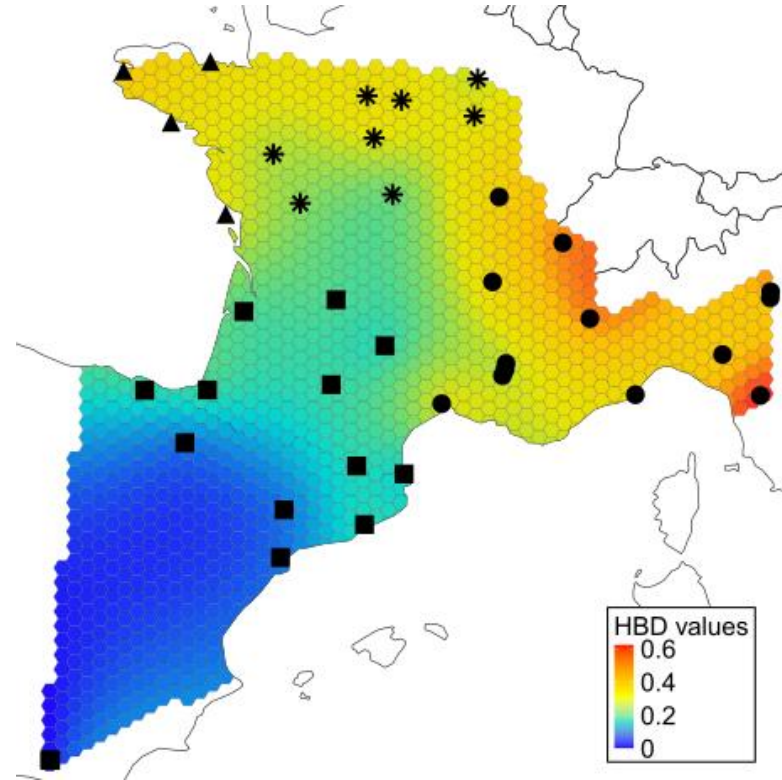
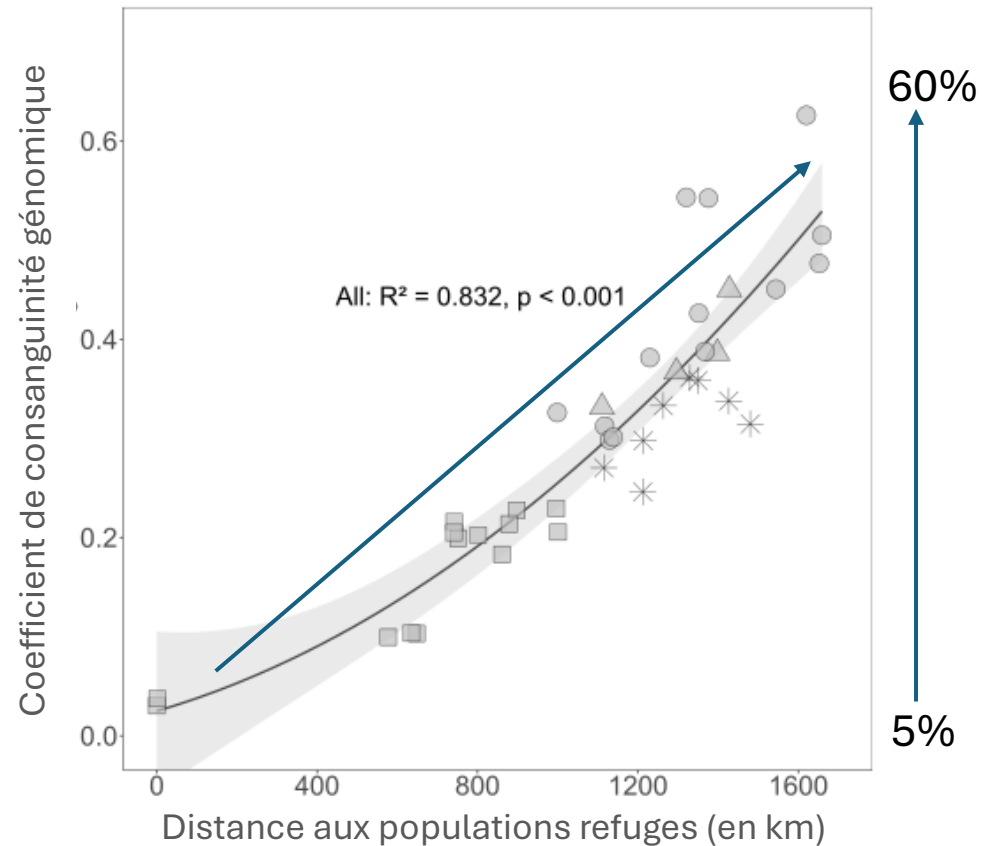
Augmentation de la consanguinité le long de l'expansion

Augmentation de la consanguinité le long de l'expansion



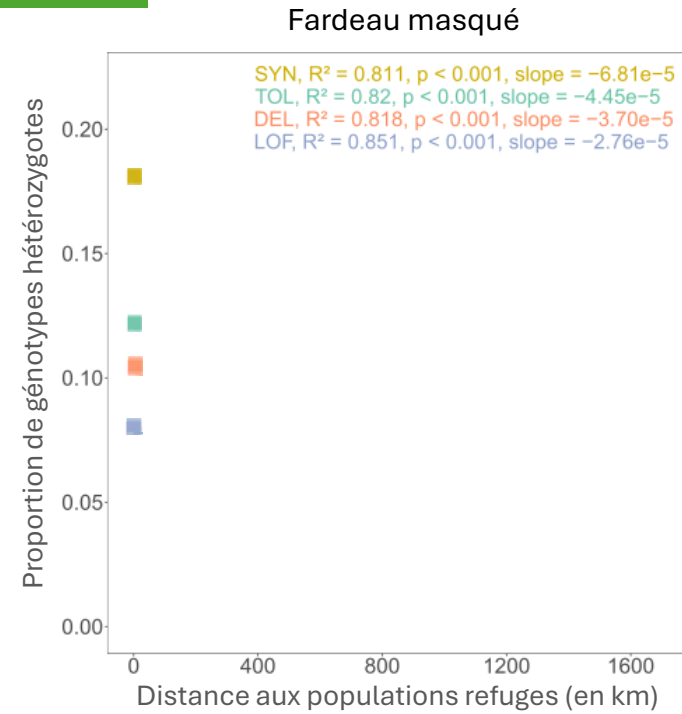
Augmentation de la consanguinité le long de l'expansion

Consanguinité

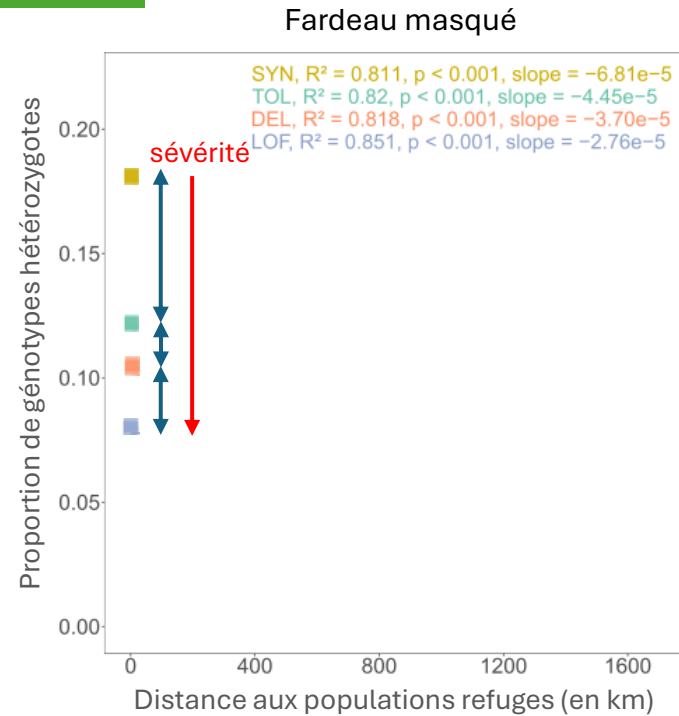


Augmentation
graduelle de la
proportion du
génomme dans des
HBD le long du
gradient d'expansion

Baisse du fardeau masqué et augmentation du fardeau réalisé

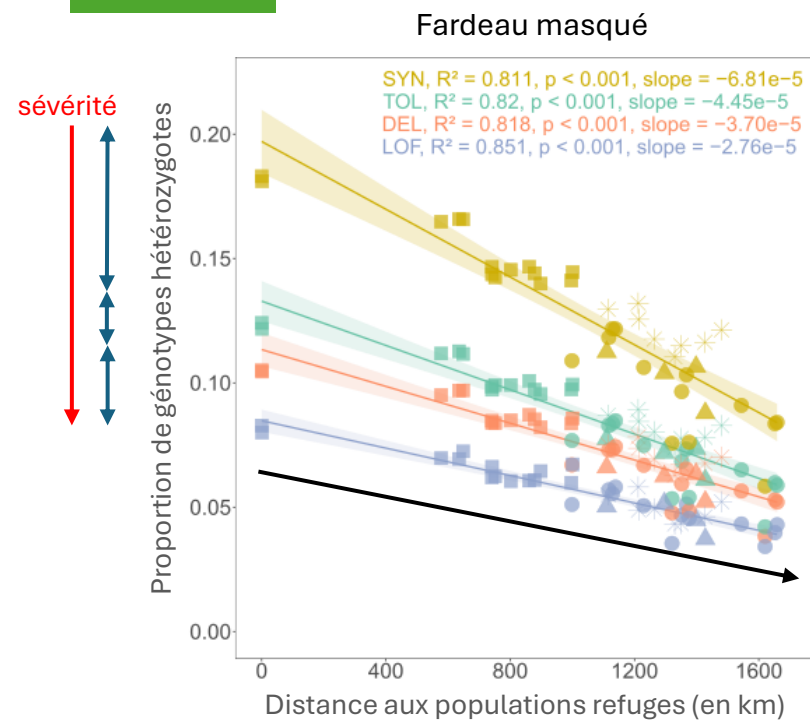


Baisse du fardeau masqué et augmentation du fardeau réalisé



La proportion d'hétérozygotie diminue avec la sévérité des mutations

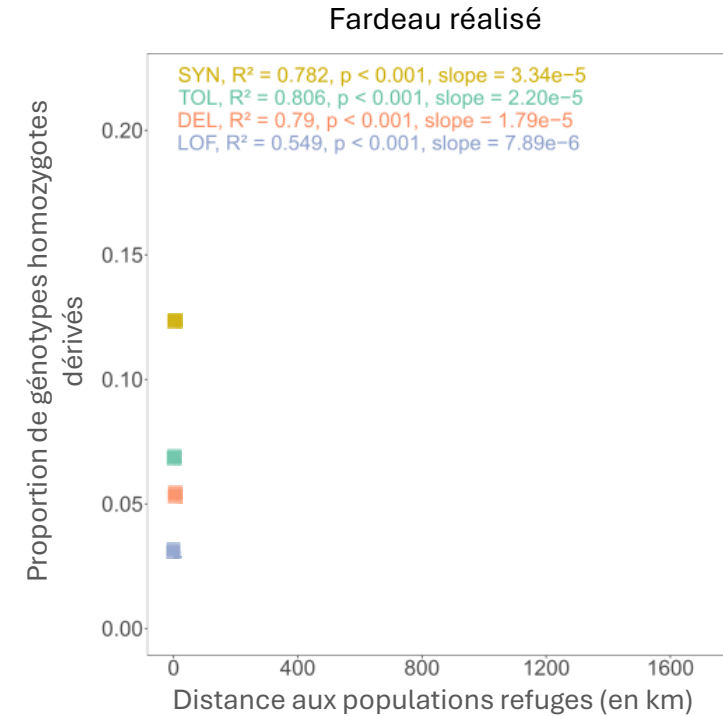
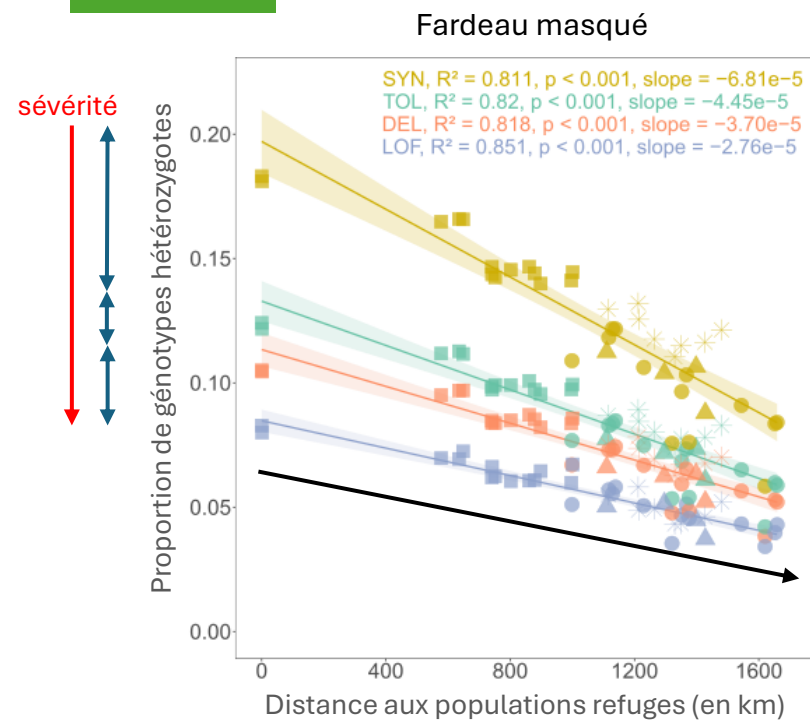
Baisse du fardeau masqué et augmentation du fardeau réalisé



La proportion d'hétérozygotie diminue avec la sévérité des mutations

Diminution graduelle de la proportion de génotypes hétérozygotes pour toutes les catégories le long du gradient d'expansion

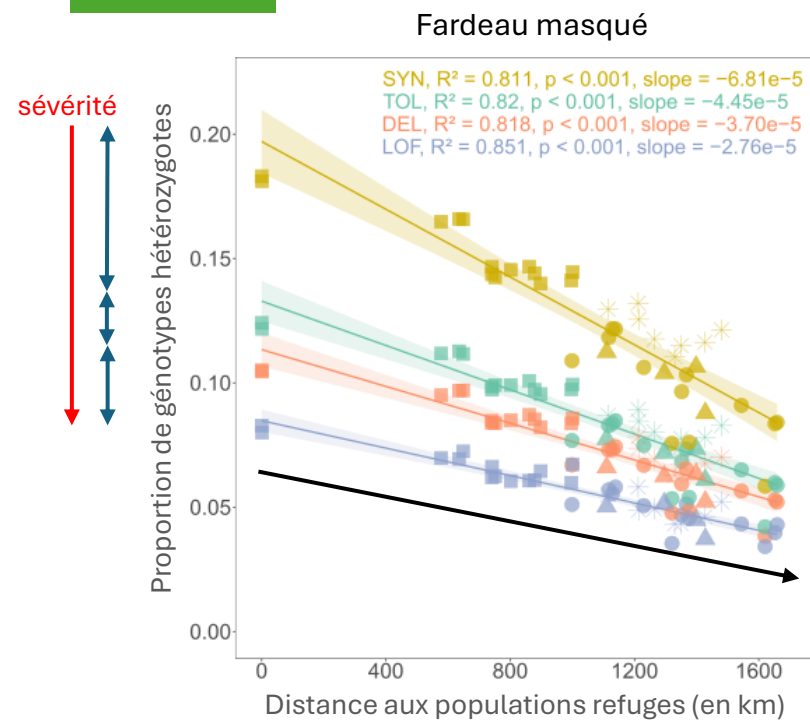
Baisse du fardeau masqué et augmentation du fardeau réalisé



La proportion d'hétérozygotie diminue avec la sévérité des mutations

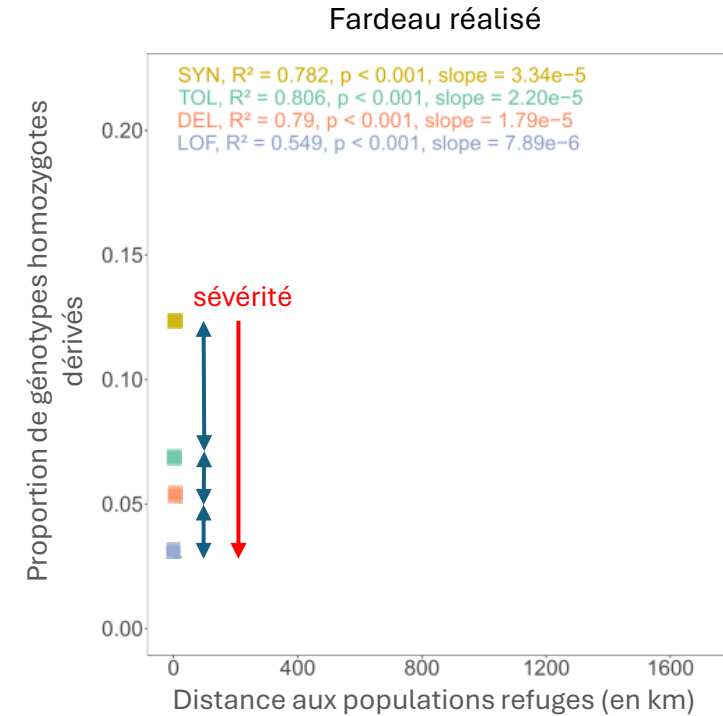
Diminution graduelle de la proportion de génotypes hétérozygotes pour toutes les catégories le long du gradient d'expansion

Baisse du fardeau masqué et augmentation du fardeau réalisé



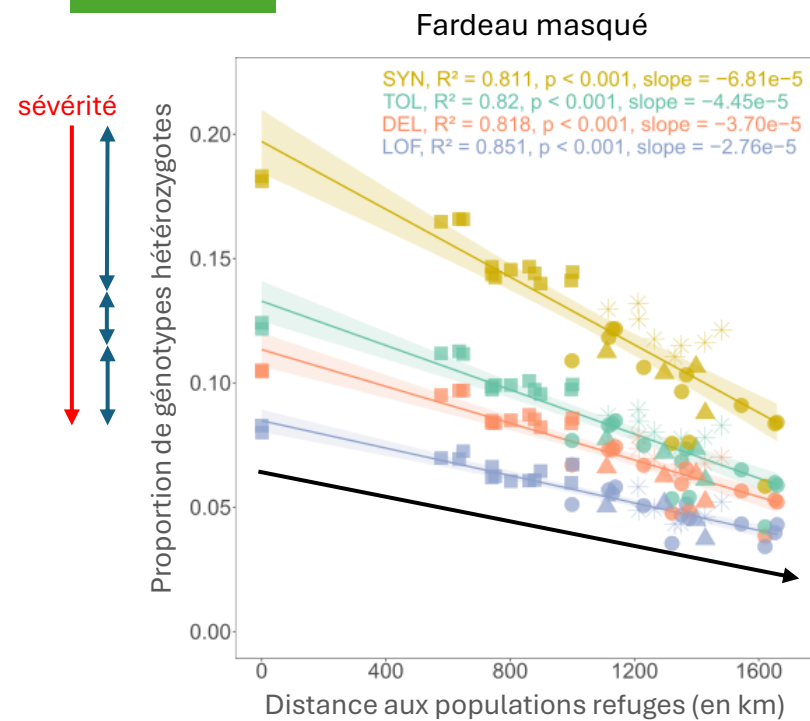
La proportion d'hétérozygotie diminue avec la sévérité des mutations

Diminution graduelle de la proportion de génotypes hétérozygotes pour toutes les catégories le long du gradient d'expansion



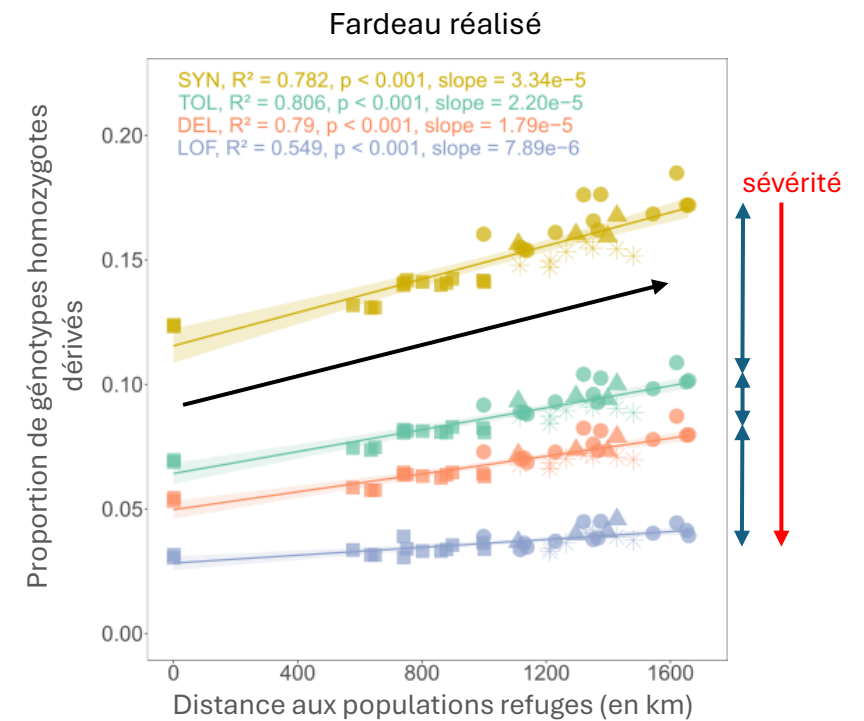
La proportion d'homozygotes dérivés diminue avec la sévérité des mutations

Baisse du fardeau masqué et augmentation du fardeau réalisé



La proportion d'hétérozygotie diminue avec la sévérité des mutations

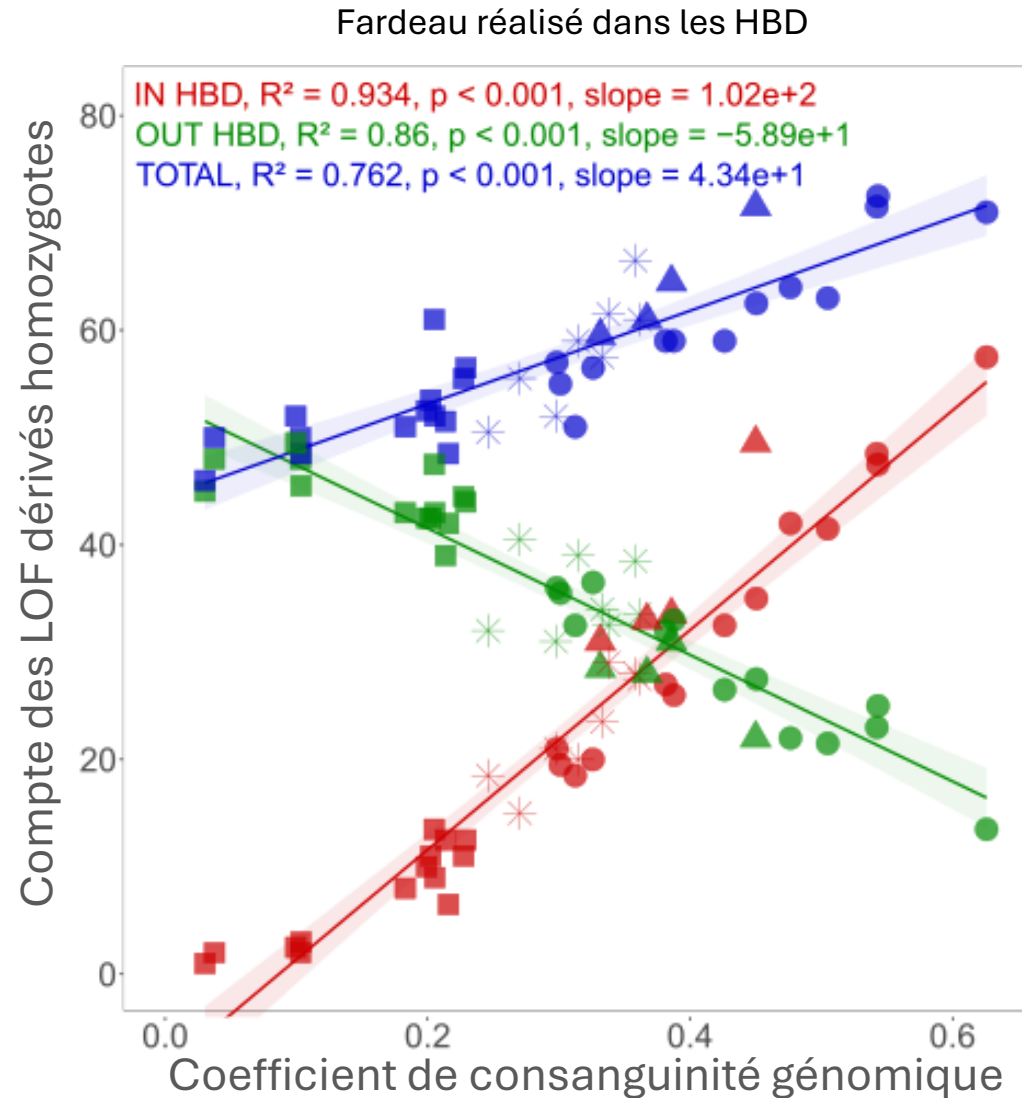
Diminution graduelle de la proportion de génotypes hétérozygotes pour toute les catégories le long du gradient d'expansion



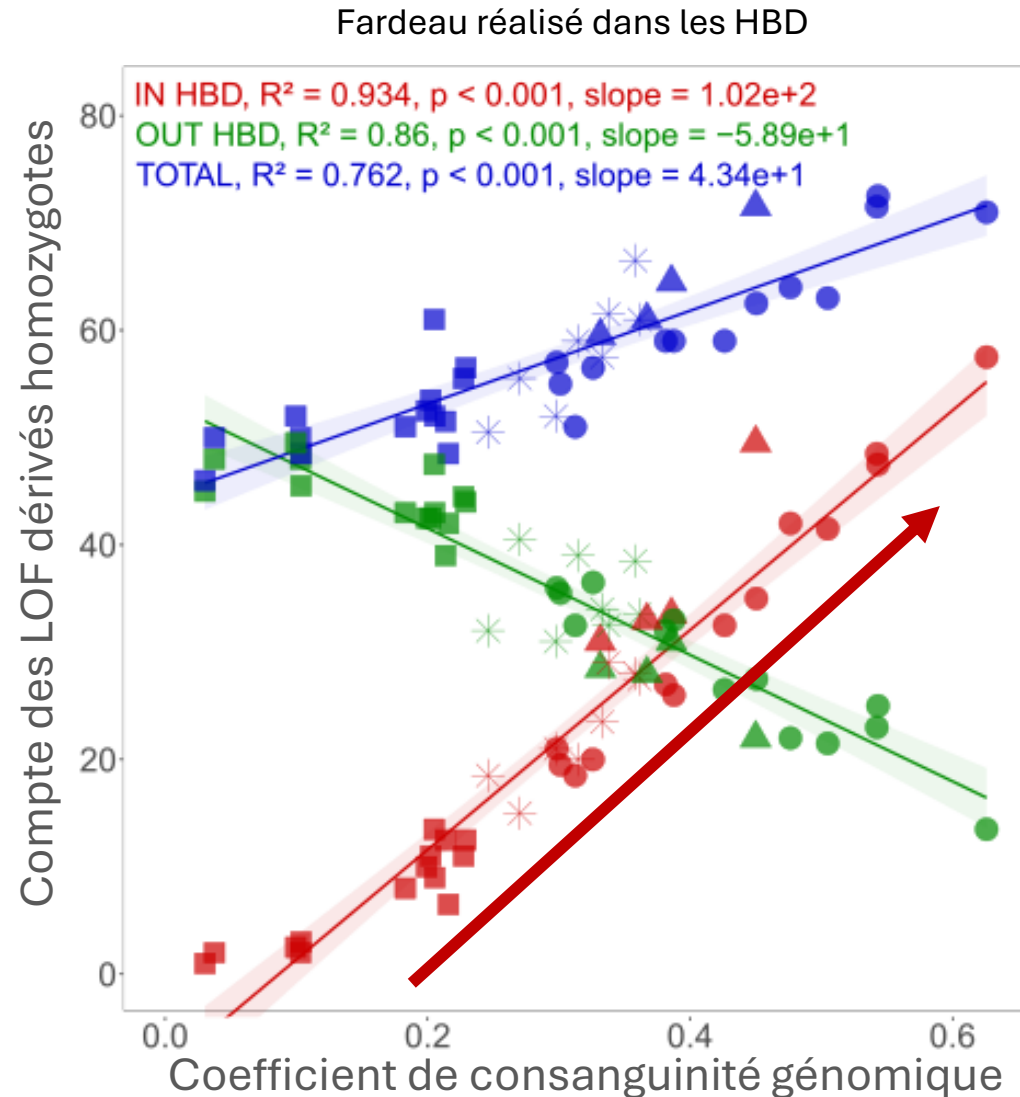
La proportion d'homozygotes dérivés diminue avec la sévérité des mutations

Augmentation graduelle de la proportion d'homozygotes dérivés pour toute les catégories le long du gradient d'expansion

Augmentation du fardeau réalisé lié à la consanguinité

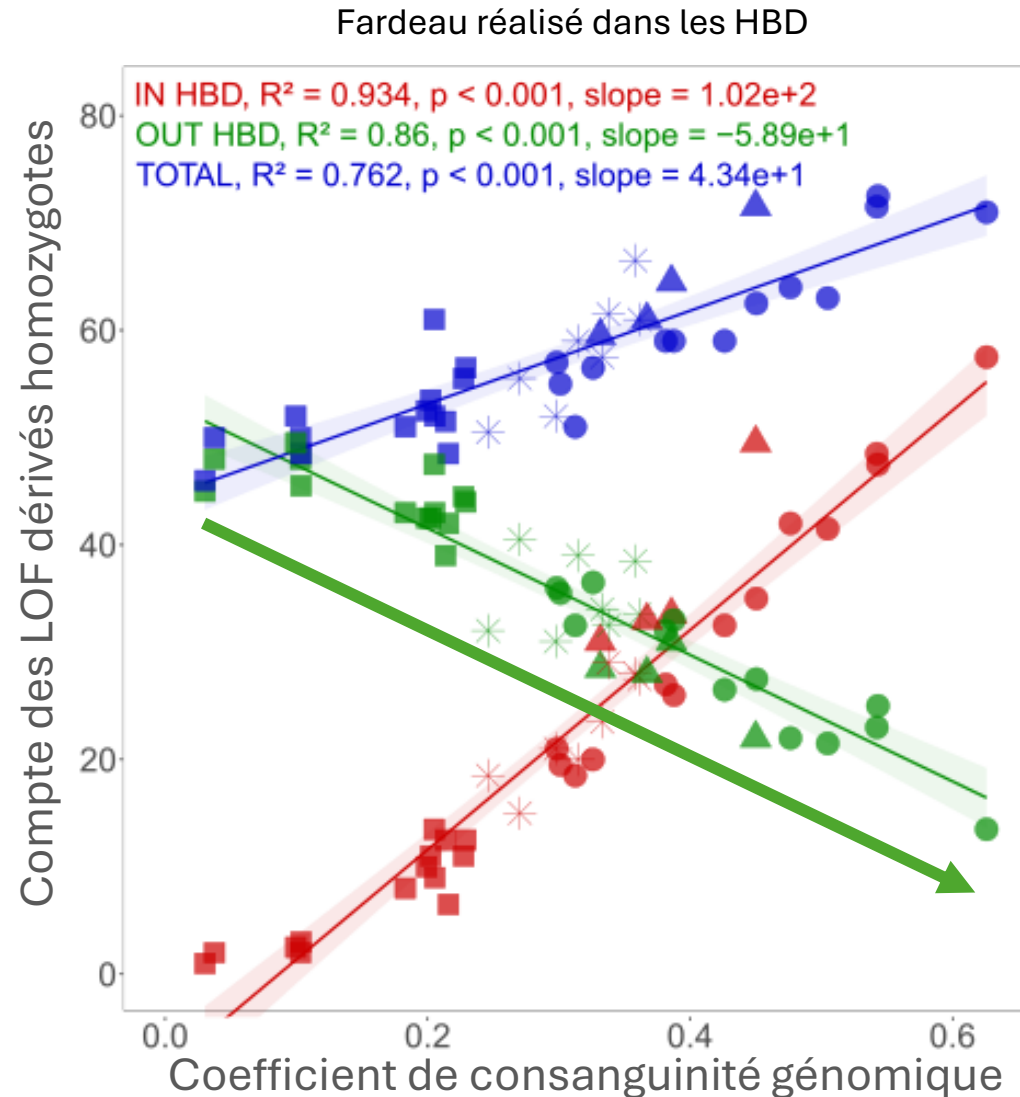


Augmentation du fardeau réalisé lié à la consanguinité



Augmentation graduelle du nombre de génotypes homozygotes dérivés LOF dans les HBD à mesure que la consanguinité augmente

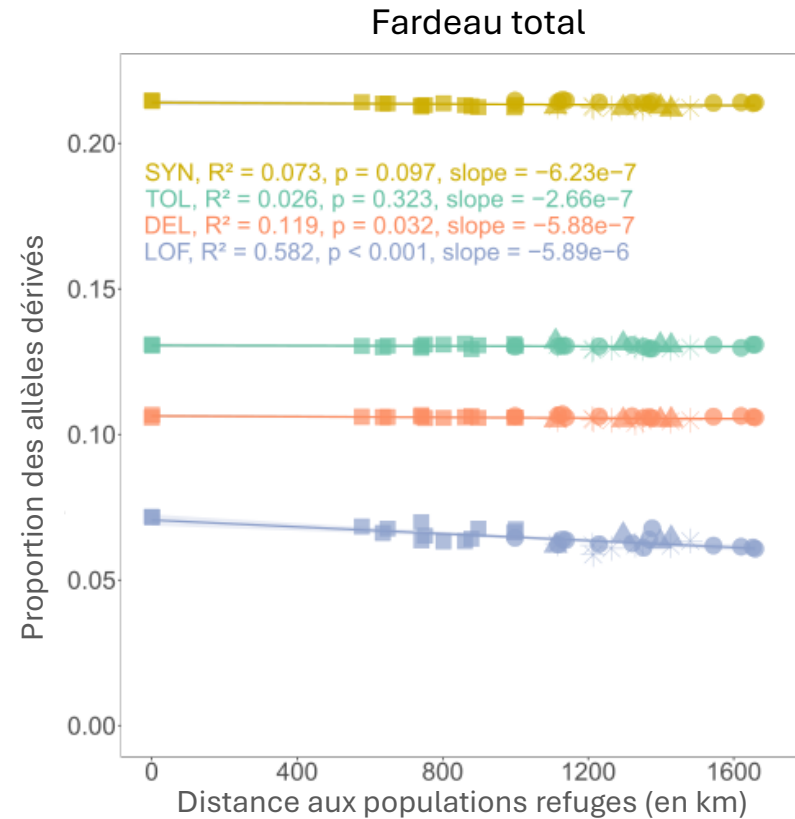
Augmentation du fardeau réalisé lié à la consanguinité



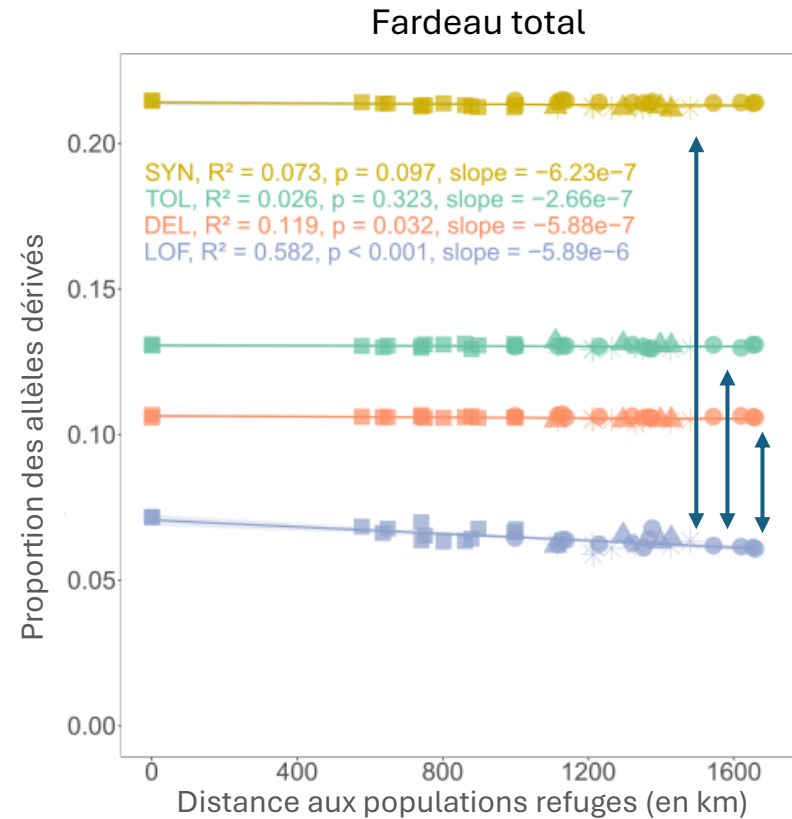
Augmentation graduelle du nombre de génotypes homozygotes dérivés LOF dans les HBD à mesure que la consanguinité augmente

Diminution graduelle du nombre de génotypes homozygotes dérivés LOF hors HBD à mesure que la consanguinité augmente

Purge des mutations très délétères le long de l'expansion

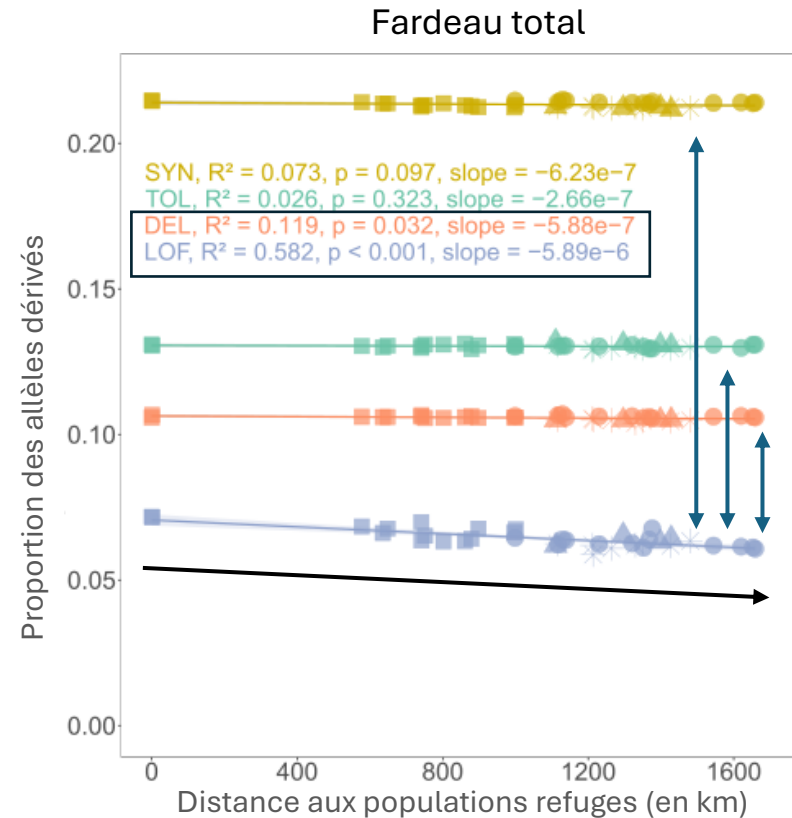


Purge des mutations très délétères le long de l'expansion



La proportion d'allèles dérivés diminue avec la sévérité des mutations → sélection purificatrice

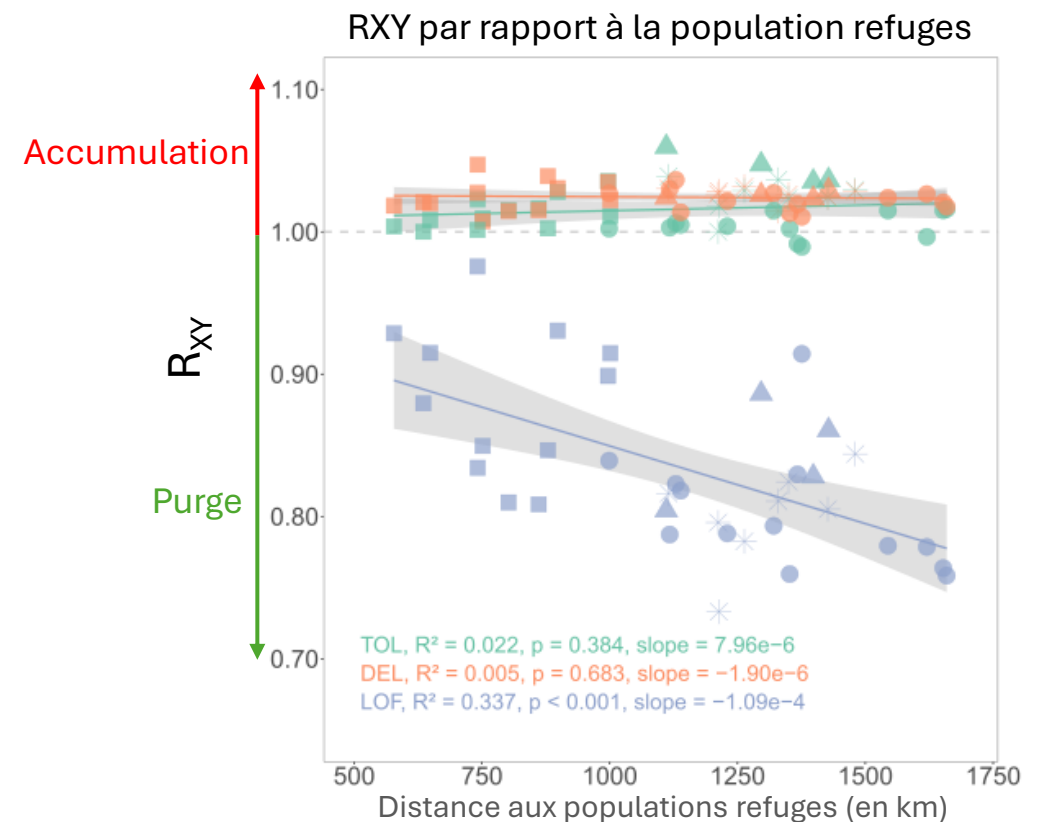
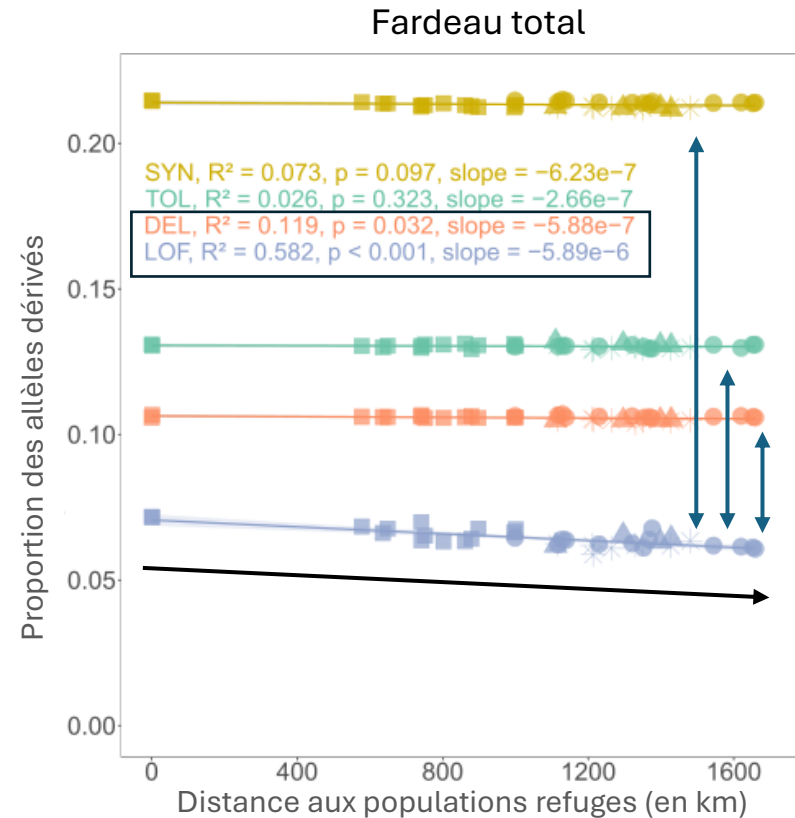
Purge des mutations très délétères le long de l'expansion



La proportion d'allèles dérivés diminue avec la sévérité des mutations → sélection purificatrice

Diminution du fardeau total pour les mutations fortement délétères le long de l'expansion : Purge ??

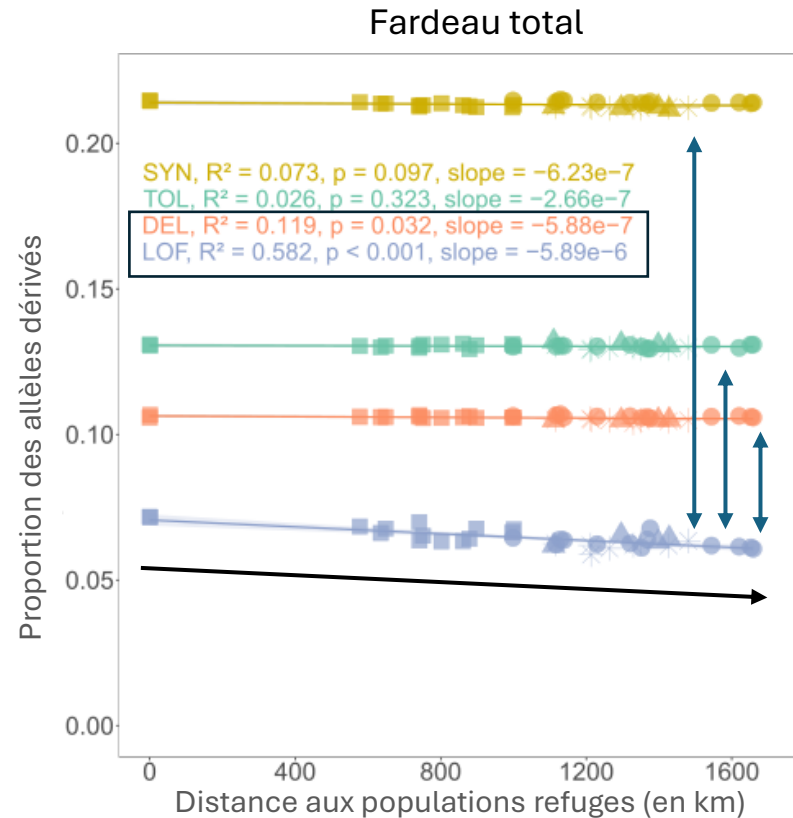
Purge des mutations très délétères le long de l'expansion



La proportion d'allèles dérivés diminue avec la sévérité des mutations → sélection purificatrice

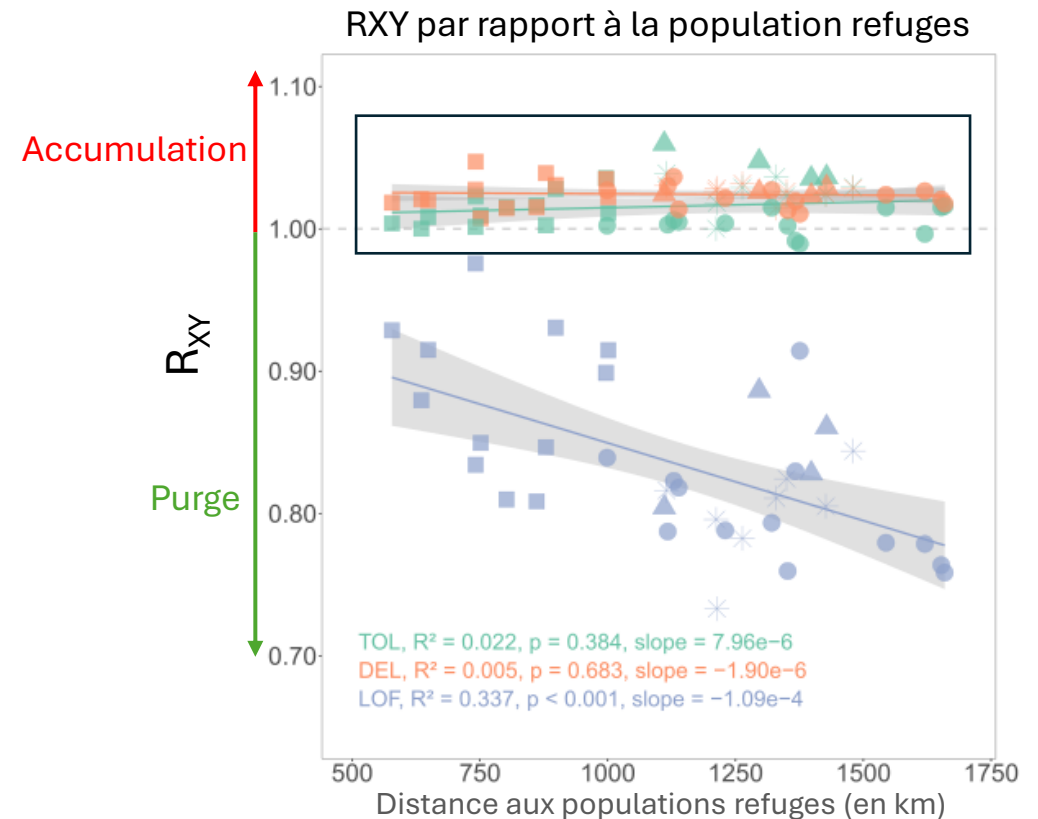
Diminution du fardeau total pour les mutations fortement délétères le long de l'expansion : Purge ??

Purge des mutations très délétères le long de l'expansion



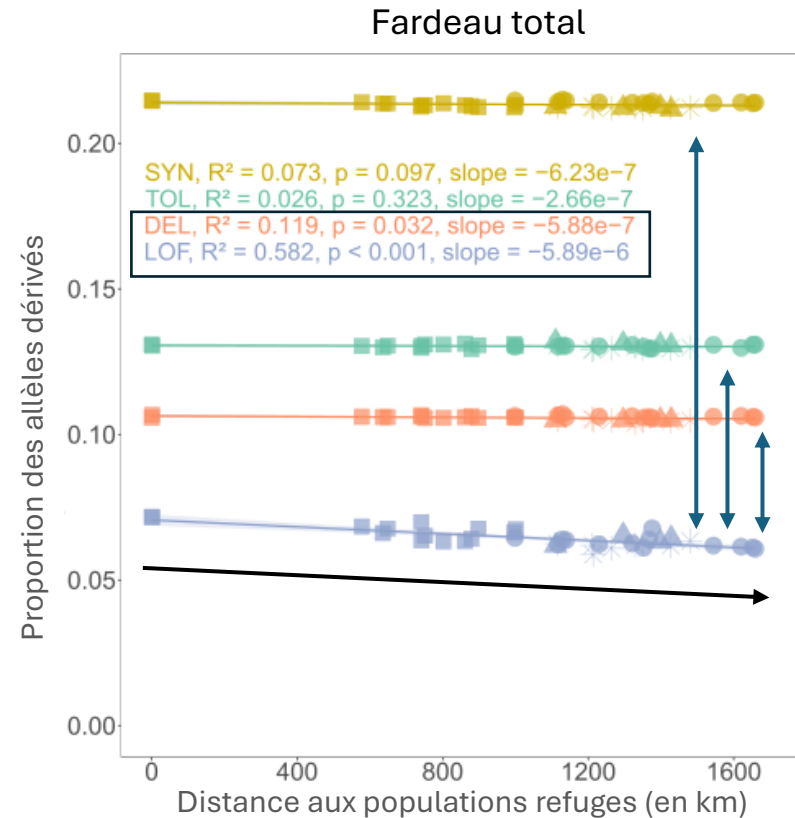
La proportion d'allèles dérivés diminue avec la sévérité des mutations → sélection purificatrice

Diminution du fardeau total pour les mutations fortement délétères le long de l'expansion : Purge ??



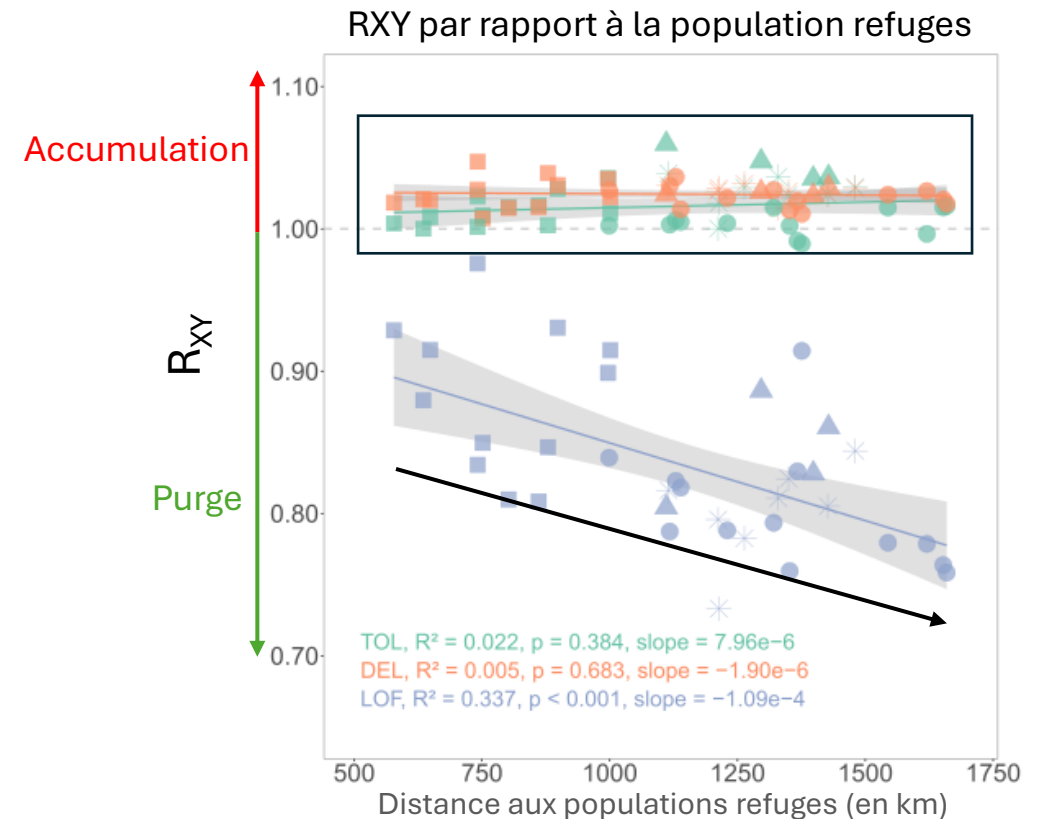
Pas d'accumulation ni de purge des mutations moyennement délétères le long de l'expansion

Purge des mutations très délétères le long de l'expansion



La proportion d'allèles dérivés diminue avec la sévérité des mutations → sélection purificatrice

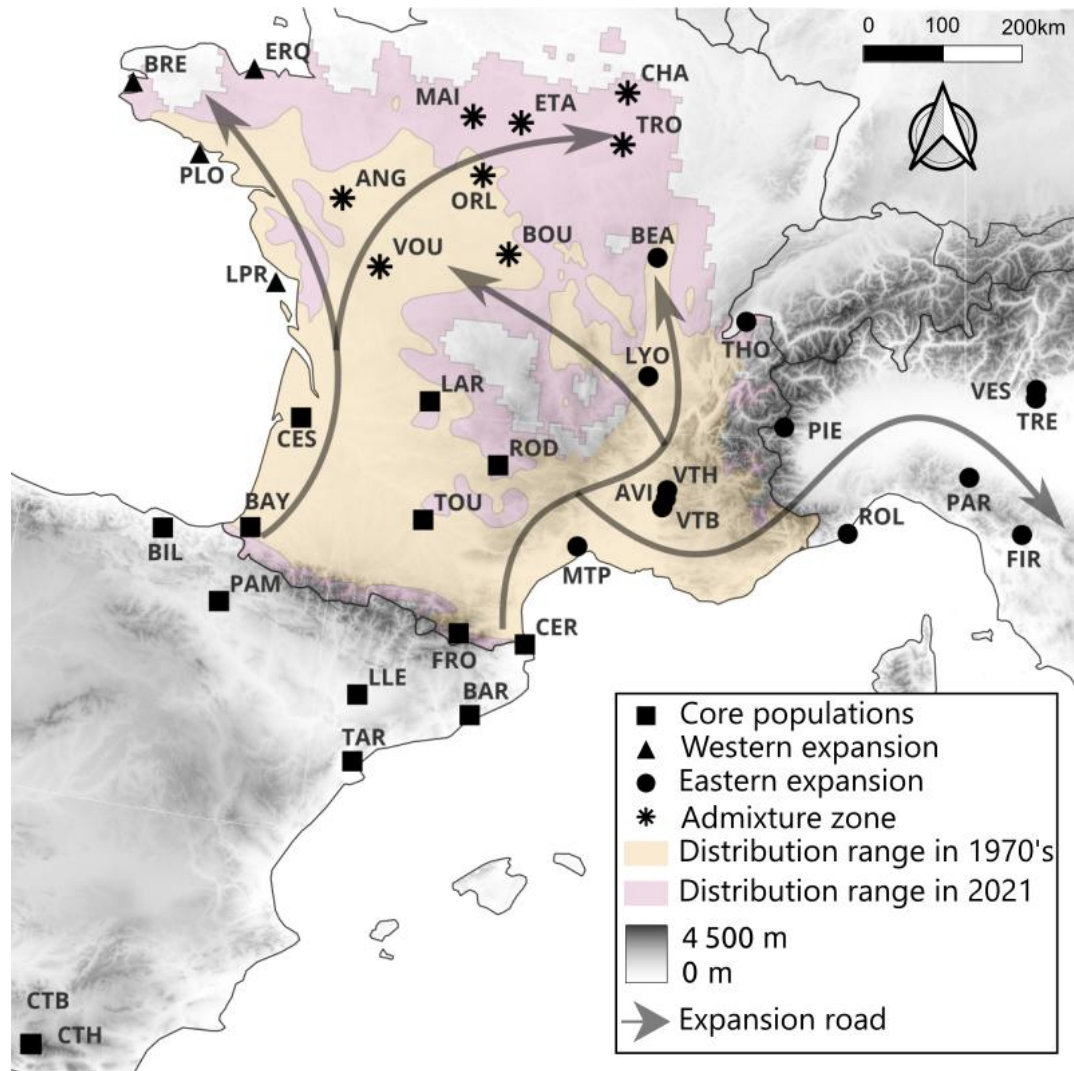
Diminution du fardeau total pour les mutations fortement délétères le long de l'expansion : Purge ??



Pas d'accumulation ni de purge des mutations moyennement délétères le long de l'expansion

Mais, diminution graduelle du R_{XY} indiquant la purge de mutations très délétères

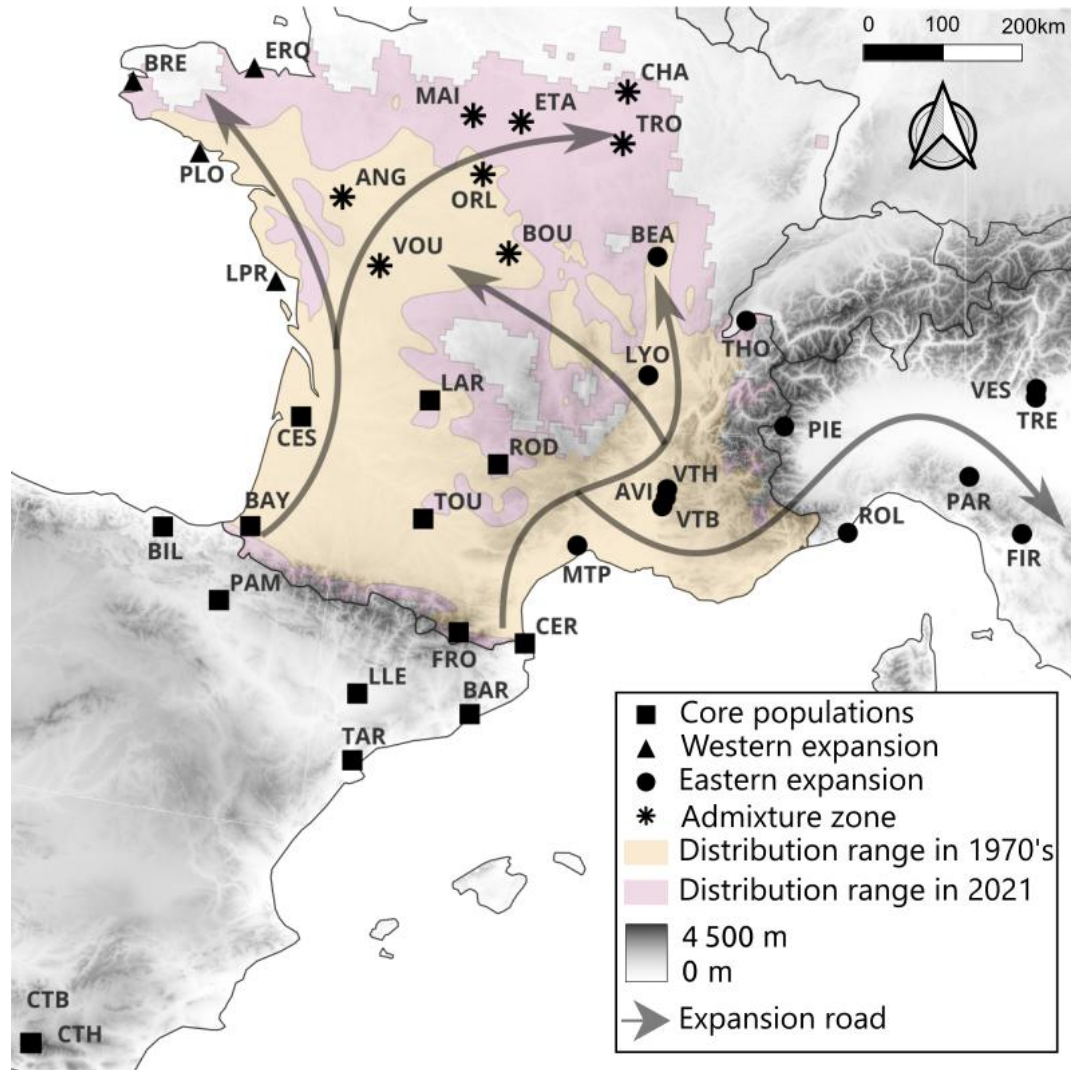
Conclusions du chapitre 2



On a le long de l'expansion de la PPM, des goulots d'étranglements successifs :

- Qui diminuent la diversité génétique et la taille efficace des population et qui augmente la consanguinité
- Qui diminuent l'efficacité de la sélection, et augmentent la conversion du fardeau masqué en fardeau réalisé
- Qui ont entraîné une purge d'une partie des mutations fortement délétères

Conclusions du chapitre 2



On a le long de l'expansion de la PPM, des goulots d'étranglements successifs :

- Qui diminuent la diversité génétique et la taille efficace des population et qui augmente la consanguinité
- Qui diminuent l'efficacité de la sélection, et augmentent la conversion du fardeau masqué en fardeau réalisé
- Qui ont entrainé une purge d'une partie des mutations fortement délétères
- *4 individus par population pour estimer le fardeau*

Conclusion générale

➤ *Comparaison des deux contextes*

- Forte consanguinité, perte de diversité, diminution de taille efficace
- Fardeau réalisé accru

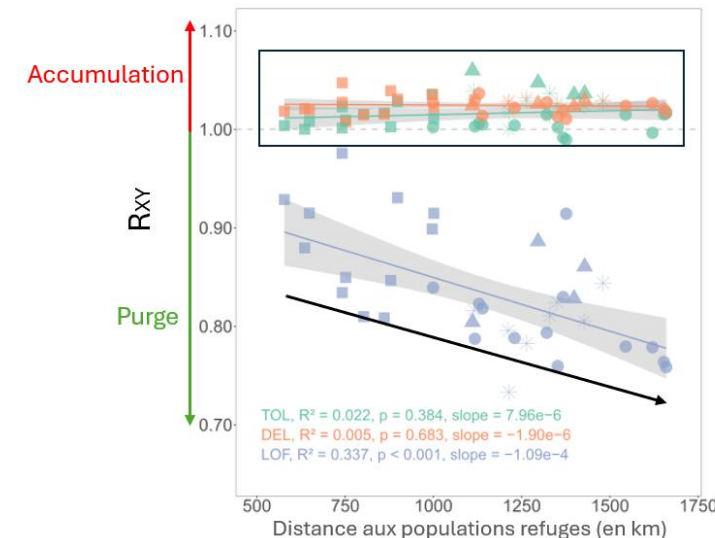
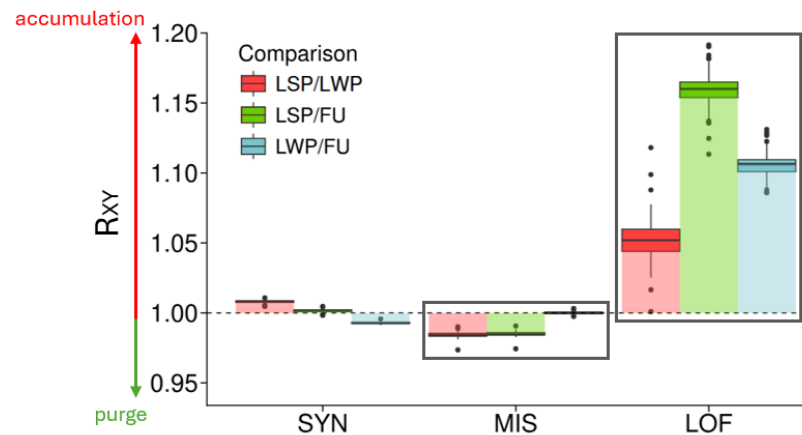
Conclusion générale

➤ *Comparaison des deux contextes*

- Forte consanguinité, perte de diversité, diminution de taille efficace
- Fardeau réalisé accru
- Accumulation dans le cas de la population allochronique vs purge dans le cas de l'expansion

Liens avec les contextes démographiques différents ?

Liens avec différences de consanguinité?



Perspectives

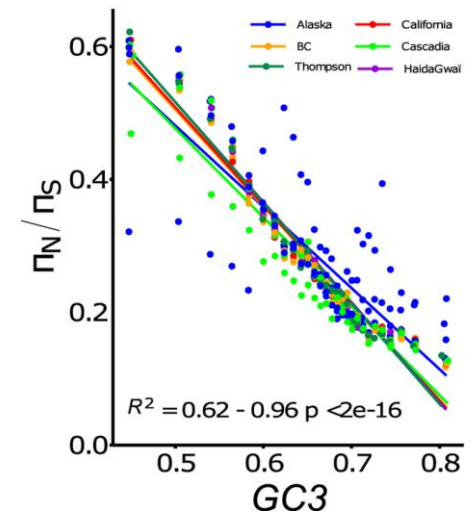
➤ *Architecture du fardeau : comment aller plus loin?*

- Compléter avec poolseq pour travailler sur plus d'allèles ? (Lombaert et al., 2025)
Mutations fortement délétères sont rares

Perspectives

➤ *Architecture du fardeau : comment aller plus loin?*

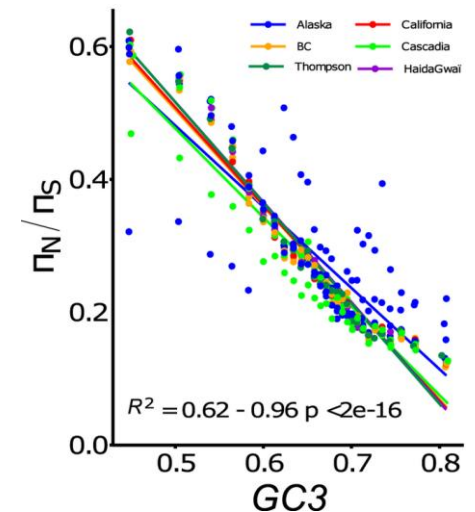
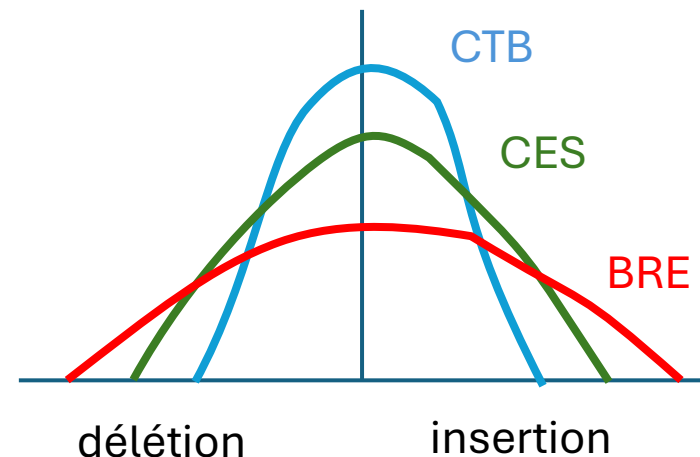
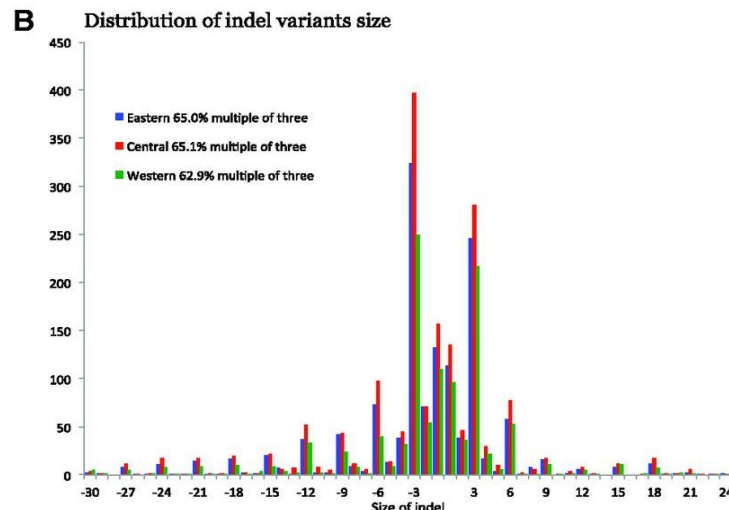
- Compléter avec poolseq pour travailler sur plus d'allèles ? (Lombaert et al., 2025)
Mutations fortement délétères sont rares
- Mesurer la recombinaison (avec plus d'individus) pour investiguer la variation du fardeau génétique le long du génome (Leroy et al., 2021; Rougement et al., 2023)



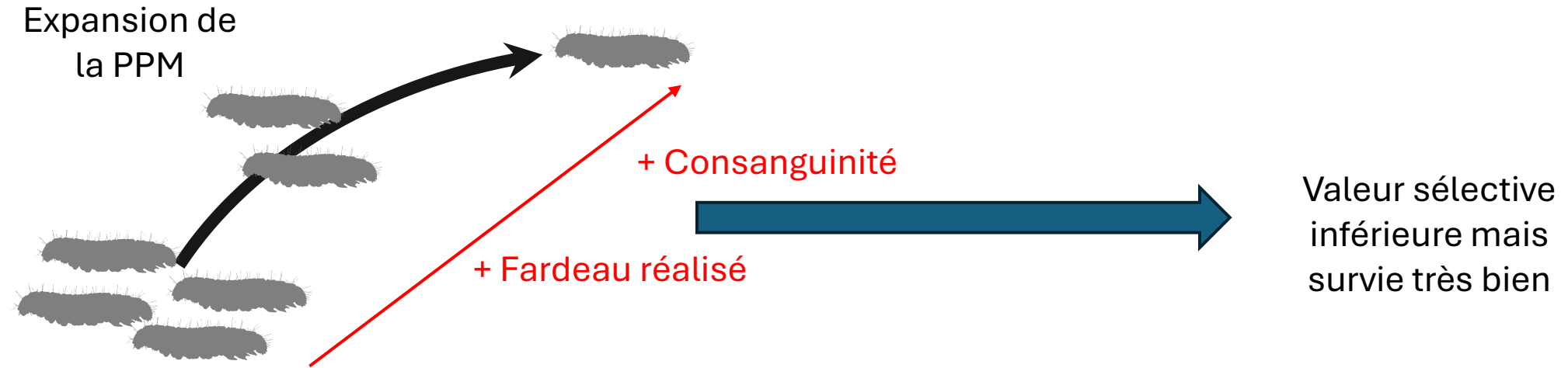
Perspectives

➤ *Architecture du fardeau : comment aller plus loin?*

- Compléter avec poolseq pour travailler sur plus d'allèles ? (Lombaert et al., 2025)
Mutations fortement délétères sont rares
- Mesurer la recombinaison (avec plus d'individus) pour investiguer la variation du fardeau génétique le long du génome (Leroy et al., 2021; Rougement et al., 2023)
- Variants structuraux (Bataillon et al., 2015)



Implication pour l'étude des ravageurs



Toujours expansion en cours malgré un impact sur la valeur sélective des populations aux fronts

Possibilité de migrations longues distances à cause des Hommes

- Consanguinité - Fardeau réalisé

Remerciements

Jury

**Claire Mérot, Marie-Anne Auger-Rozenberg,
Pierre-Alexandre Gagnaire, Marie-Pierre Chapuis**

Encadrants

Charles Perrier, Carole Kerdelhué, Mathieu Gautier

Comité de thèse

**Sophie Arnaud-Haond, Leila Bagny-Beilhe,
Renaud Vitalis, Thibault Leroy**

Merci à vous tous pour votre présence et votre attention !!