



# HABILITATION À DIRIGER DES RECHERCHES

Université de Montpellier  
École doctorale GAIA

## DE LA GÉNÉTIQUE À LA GÉNOMIQUE POUR L'ÉTUDE ET LA GESTION DES POPULATIONS PROJET D'ÉTUDE DU FARDEAU D'EXPANSION ET D'INVASION

Charles PERRIER



Centre de Biologie pour la Gestion des Populations

Département Ecologie et biodiversité des milieux forestiers, prairiaux et aquatiques

Institut national de recherche pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement



Centre agronomique tropical de recherche et d'enseignement, Turrialba, Costa Rica

### *Membres du jury :*

Simon BLANCHET	DR CNRS
Thibault LEROY	CR INRAE
Claire MÉROT	CR CNRS
Sylvie MURATORIO	DR INRAE
Éric PETIT	DR INRAE
Frédérique VIARD	DR CNRS

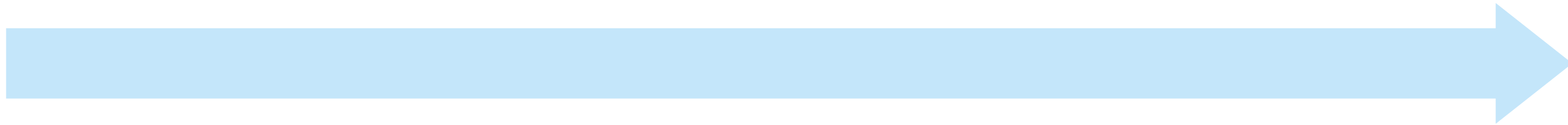
le 05/05/2026

## CV - parcours

Quelques éléments de contexte  
appuyés de deux exemples de travaux récemment encadrés

Projet de recherche empirique  
en génomique des populations  
sur le fardeau génétique  
dans des contextes d'invasion et expansion

# CV - parcours



# CV - parcours

Master I    Master II    Doctorant



EQHC  
Rennes

CARRTEL  
Thonon

ESE  
Rennes

2006

2007

2007-2010

# CV - parcours

Master I

Master II

Doctorant

Chercheur  
contractuel

Chercheur  
contractuel



EQHC  
Rennes

CARRTEL  
Thonon

ESE  
Rennes

Dpt Biologie  
Québec

CEFE  
Montpellier

2006

2007

2007-2010

2011-2015

2015-2019

# CV - parcours

Master I

Master II

Doctorant

Chercheur contractuel

Chercheur contractuel

Chercheur permanent

Chercheur invité



EQHC  
Rennes

CARRTEL  
Thonon

ESE  
Rennes

Dpt Biologie  
Québec

CEFE  
Montpellier

CBGP  
Montpellier

CATIE  
Turrialba

2006

2007

2007-2010

2011-2015

2015-2019

2019-....

2024-2026

# CV - parcours



Merci !

# CV - parcours

Master I

Master II

Doctorant

Chercheur contractuel

Chercheur contractuel

Chercheur permanent

Chercheur invité



EQHC  
Rennes

CARRTEL  
Thonon

ESE  
Rennes

Dpt Biologie  
Québec

CEFE  
Montpellier

CBGP  
Montpellier

CATIE  
Turrialba

2006

2007

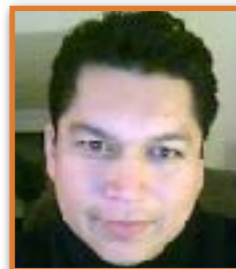
2007-2010

2011-2015

2015-2019

2019-...

2024-2026



Encadrant.e.s

Merci!

# CV - parcours

Master I

Master II

Doctorant

Chercheur contractuel

Chercheur contractuel

Chercheur permanent

Chercheur invité



EQHC  
Rennes

CARRTEL  
Thonon

ESE  
Rennes

Dpt Biologie  
Québec

CEFE  
Montpellier

CBGP  
Montpellier

CATIE  
Turrialba

2006

2007

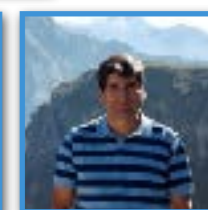
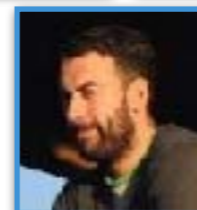
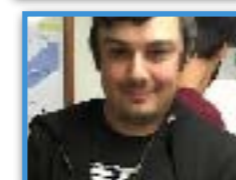
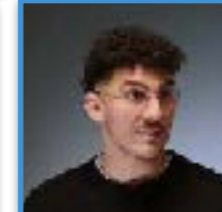
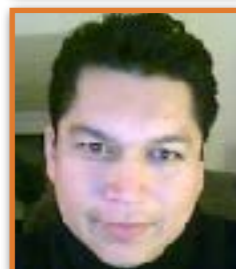
2007-2010

2011-2015

2015-2019

2019-...

2024-2026



Encadrant.e.s

Étudiant.e.s

Merci!

# CV - parcours

Master I

Master II

Doctorant

Chercheur contractuel

Chercheur contractuel

Chercheur permanent

Chercheur invité



EQHC  
Rennes

CARRTEL  
Thonon

ESE  
Rennes

Dpt Biologie  
Québec

CEFE  
Montpellier

CBGP  
Montpellier

CATIE  
Turrialba

2006

2007

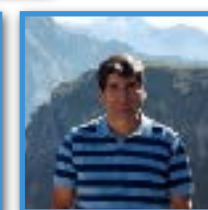
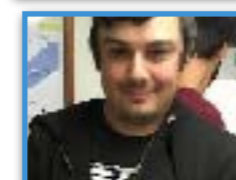
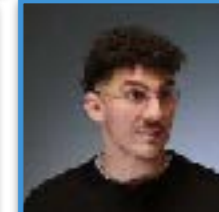
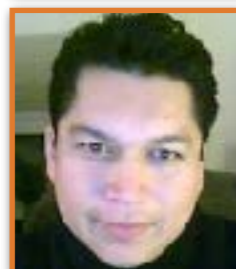
2007-2010

2011-2015

2015-2019

2019-...

2024-2026



Encadrant.e.s

Étudiant.e.s

Et de très nombreux.ses « collègues » !

Merci !

Laure, Carole, Éric(s), Mathieu(s), Arnaud, Anne, Raph, Guillaume, Émilie, Céline, Aurélie, Mónica, ...

# CV - parcours

Master I

Master II

Doctorant

Chercheur contractuel

Chercheur contractuel

Chercheur permanent

Chercheur invité



EQHC  
Rennes

CARRTEL  
Thonon

ESE  
Rennes

Dpt Biologie  
Québec

CEFE  
Montpellier

CBGP  
Montpellier

CATIE  
Turrialba

2006

2007

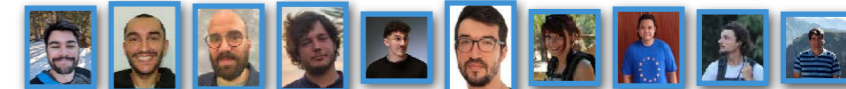
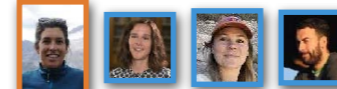
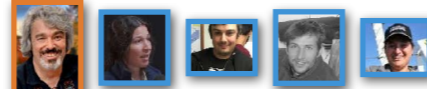
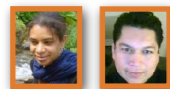
2007-2010

2011-2015

2015-2019

2019-...

2024-2026



# CV - parcours

Master I

Master II

Doctorant

Chercheur contractuel

Chercheur contractuel

Chercheur permanent

Chercheur invité



EQHC  
Rennes

CARRTEL  
Thonon

ESE  
Rennes

Dpt Biologie  
Québec

CEFE  
Montpellier

CBGP  
Montpellier

CATIE  
Turrialba

2006

2007

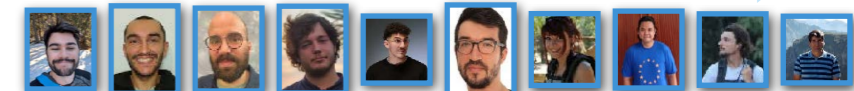
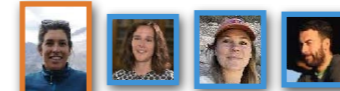
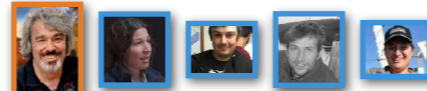
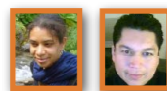
2007-2010

2011-2015

2015-2019

2019-...

2024-2026



# CV - parcours

Master I

Master II

Doctorant

Chercheur contractuel

Chercheur contractuel

Chercheur permanent

Chercheur invité



EQHC  
Rennes

CARRTEL  
Thonon

ESE  
Rennes

Dpt Biologie  
Québec

CEFE  
Montpellier

CBGP  
Montpellier

CATIE  
Turrialba

2006

2007

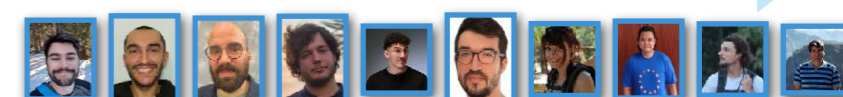
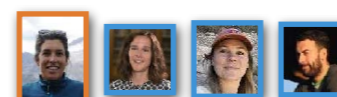
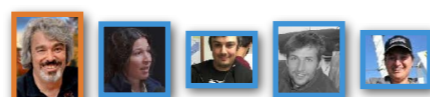
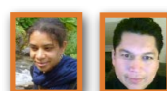
2007-2010

2011-2015

2015-2019

2019-...

2024-2026



# CV - parcours

Master I

Master II

Doctorant

Chercheur contractuel

Chercheur contractuel

Chercheur permanent

Chercheur invité



EQHC  
Rennes

CARRTEL  
Thonon

ESE  
Rennes

Dpt Biologie  
Québec

CEFE  
Montpellier

CBGP  
Montpellier

CATIE  
Turrialba

2006

2007

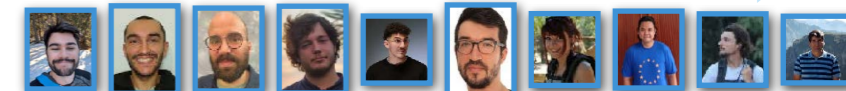
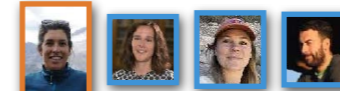
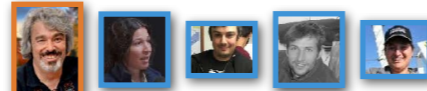
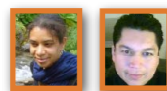
2007-2010

2011-2015

2015-2019

2019-...

2024-2026



Ichtyologie

Génétique des populations, empirique

# CV - parcours

Master I    Master II    Doctorant    Chercheur contractuel    Chercheur contractuel    Chercheur permanent    Chercheur invité



EQHC  
Rennes

CARRTEL  
Thonon

ESE  
Rennes

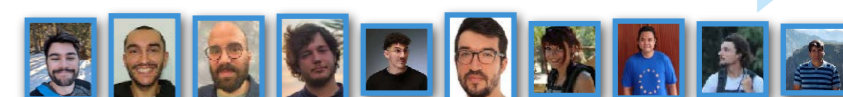
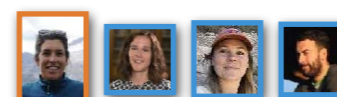
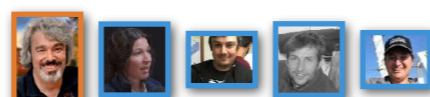
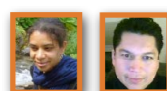
Dpt Biologie  
Québec

CEFE  
Montpellier

CBGP  
Montpellier

CATIE  
Turrialba

2006    2007    2007-2010    2011-2015    2015-2019    2019-...    2024-2026



Ichtyologie

Génétique des populations, empirique

Révolution du séquençage (espèces non modèle)

Microsat

RADseq etc...

Reséquençage

# CV - parcours

Master I    Master II    Doctorant    Chercheur contractuel    Chercheur contractuel    Chercheur permanent    Chercheur invité



EQHC  
Rennes

CARRTEL  
Thonon

ESE  
Rennes

Dpt Biologie  
Québec

CEFE  
Montpellier

CBGP  
Montpellier

CATIE  
Turrialba

2006    2007    2007-2010    2011-2015    2015-2019    2019-...    2024-2026



Ichtyologie

Génétique des populations, empirique

Révolution du séquençage (espèces non modèle)

Microsat

RADseq etc...

Reséquençage

Pour l'étude et la gestion des populations

## CV - parcours

**Quelques éléments de contexte  
appuyés de deux exemples de travaux récemment encadrés**

Projet de recherche empirique  
en génomique des populations  
sur le fardeau génétique  
dans des contextes d'invasion et expansion

# La génétique pour l'étude et la gestion des populations?

# La génétique pour l'étude et la gestion des populations?

Taille des populations



# La génétique pour l'étude et la gestion des populations?

Taille des populations



Taille des habitats



# La génétique pour l'étude et la gestion des populations?

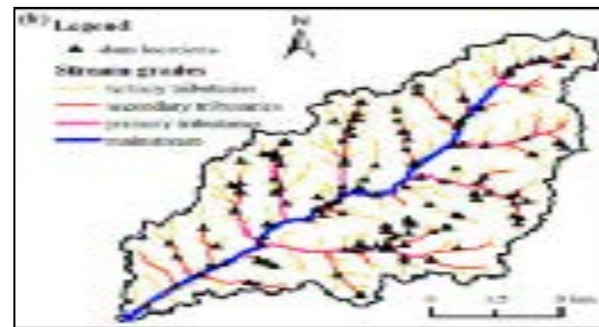
Taille des populations



Taille des habitats



Dispersion

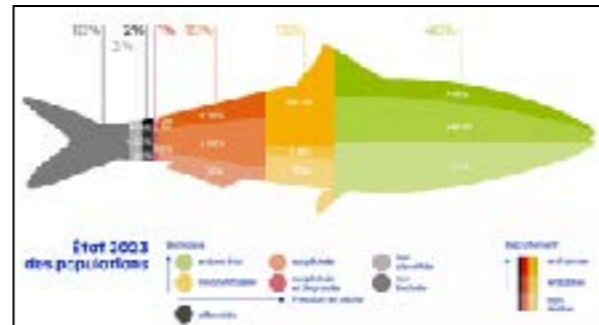


# La génétique pour l'étude et la gestion des populations?

Taille des populations



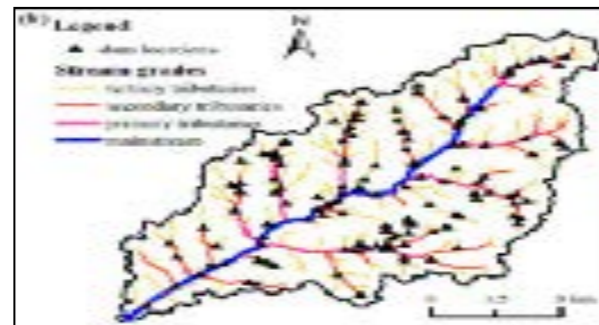
Dynamiques pop. exploitées



Taille des habitats



Dispersion

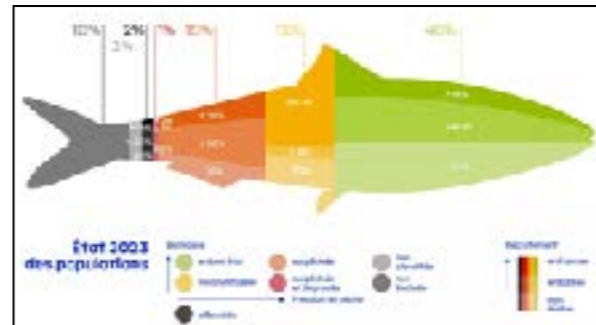


# La génétique pour l'étude et la gestion des populations?

Taille des populations



Dynamiques pop. exploitées



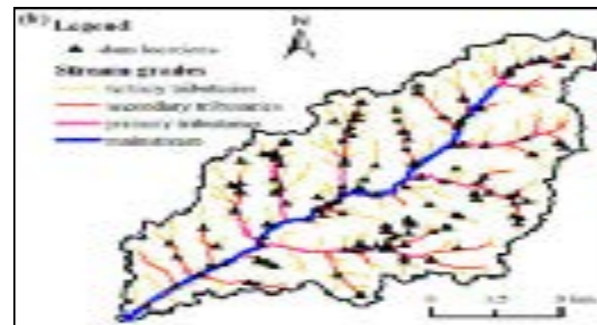
Repeuplement



Taille des habitats



Dispersion

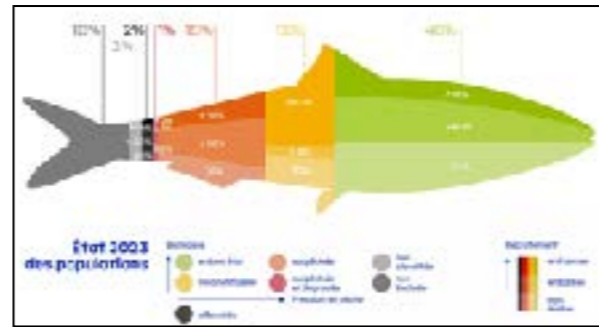


# La génétique pour l'étude et la gestion des populations?

Taille des populations



Dynamiques pop. exploitées



Repeuplement



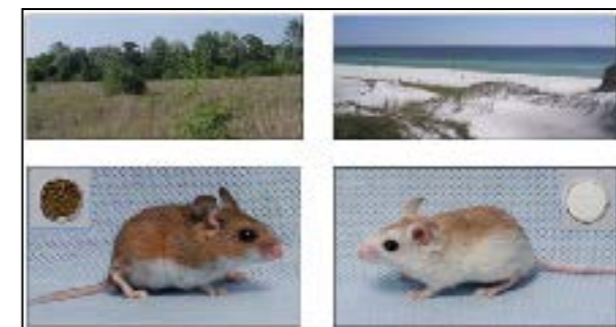
Taille des habitats



Dispersion



Sélection

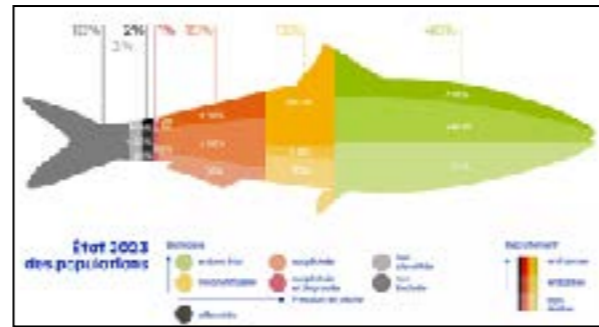


# La génétique pour l'étude et la gestion des populations?

Taille des populations



Dynamiques pop. exploitées



Repeuplement



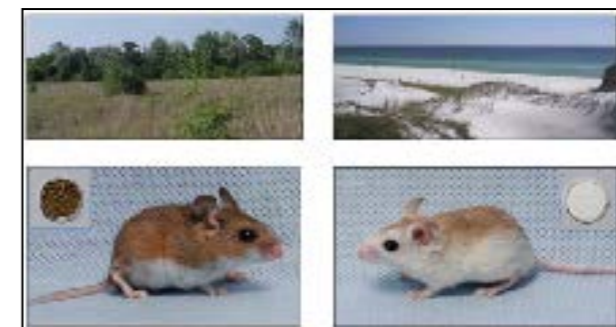
Taille des habitats



Dispersion



Sélection



Biocides

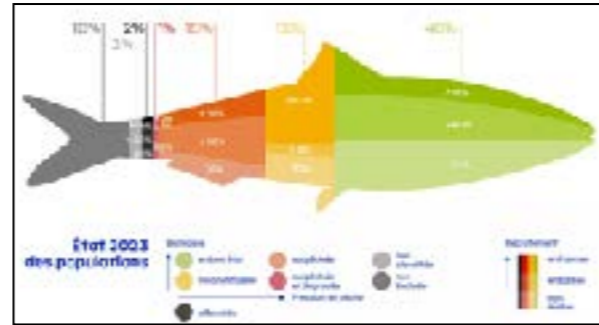


# La génétique pour l'étude et la gestion des populations?

Taille des populations



Dynamiques pop. exploitées



Repeuplement



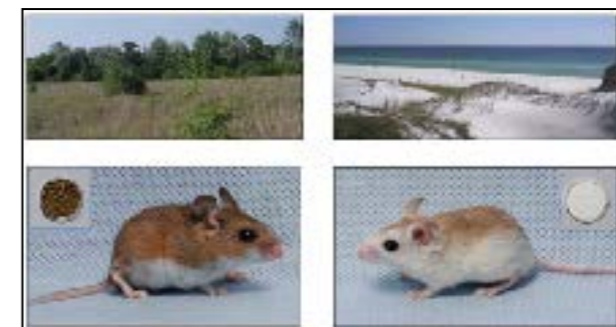
Taille des habitats



Dispersion



Sélection



Biocides



Urbanisation

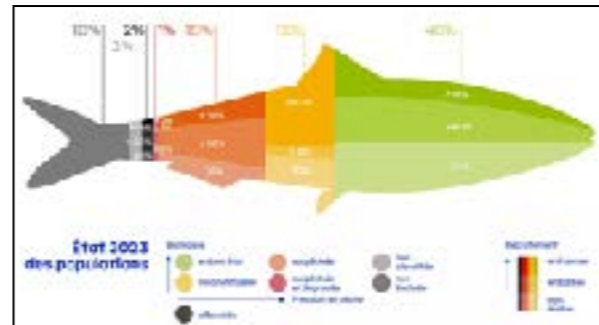


# La génétique pour l'étude et la gestion des populations?

Taille des populations



Dynamiques pop. exploitées



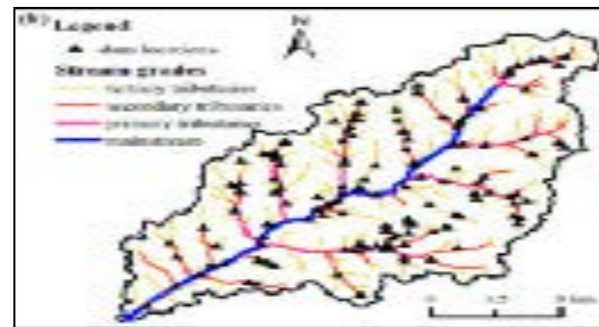
Repeuplement



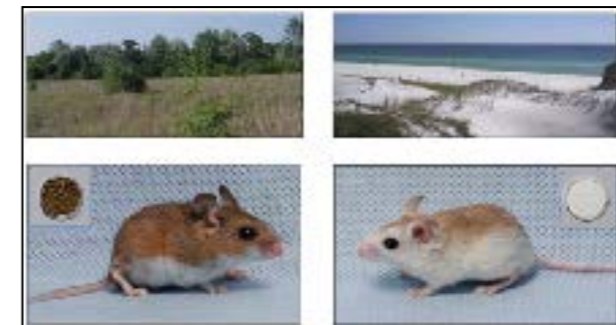
Taille des habitats



Dispersion



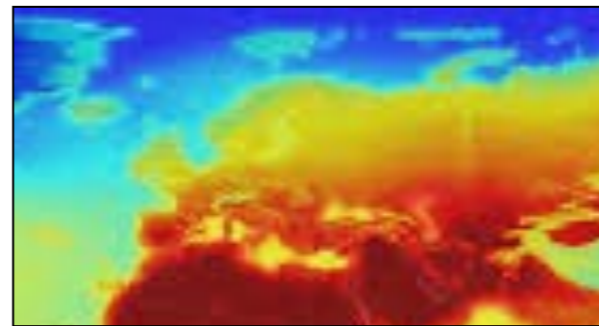
Sélection



Biocides



Chgt globaux



Urbanisation

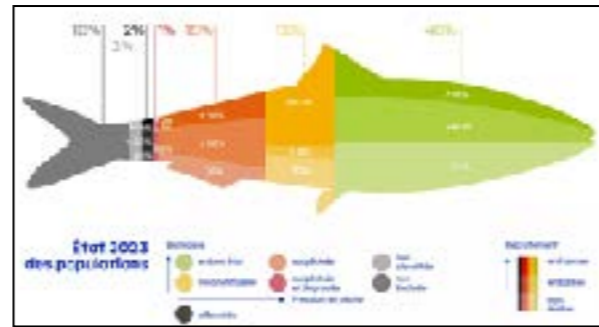


# La génétique pour l'étude et la gestion des populations?

Taille des populations



Dynamiques pop. exploitées



Repeuplement



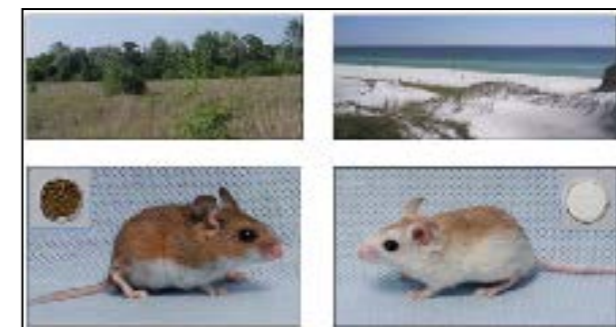
Taille des habitats



Dispersion



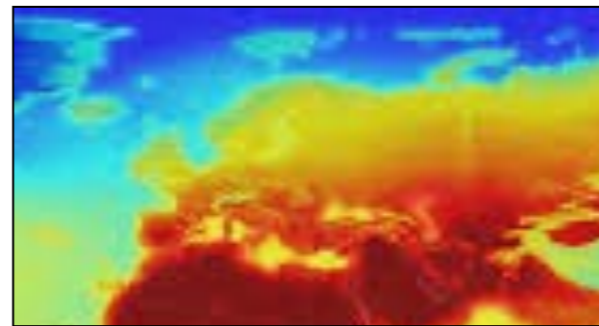
Sélection



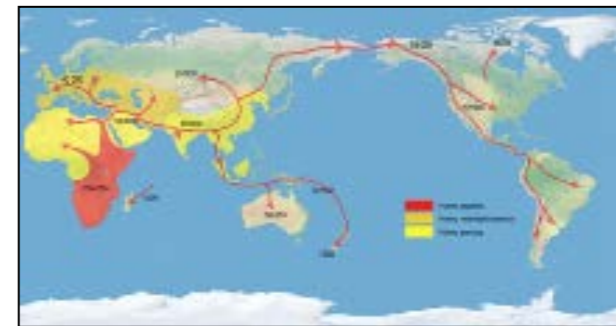
Biocides



Chgt globaux



Expansions



Urbanisation

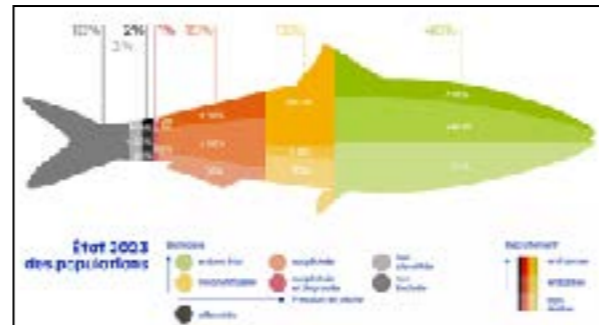


# La génétique pour l'étude et la gestion des populations?

Taille des populations



Dynamiques pop. exploitées



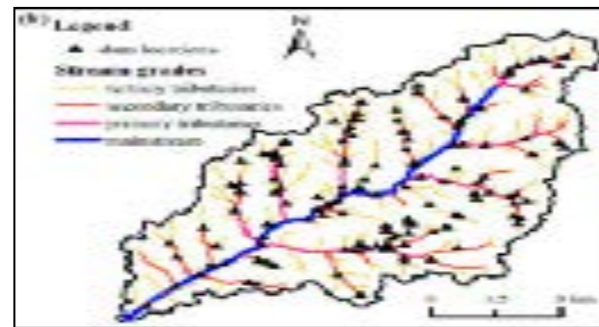
Repeuplement



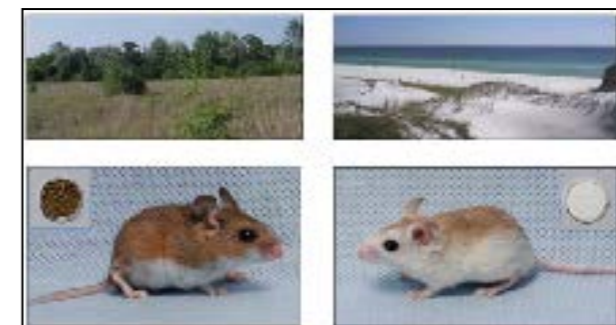
Taille des habitats



Dispersion



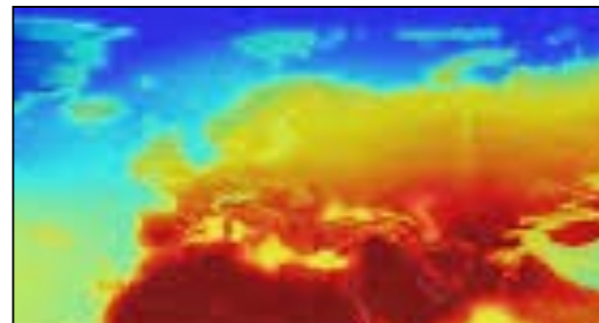
Sélection



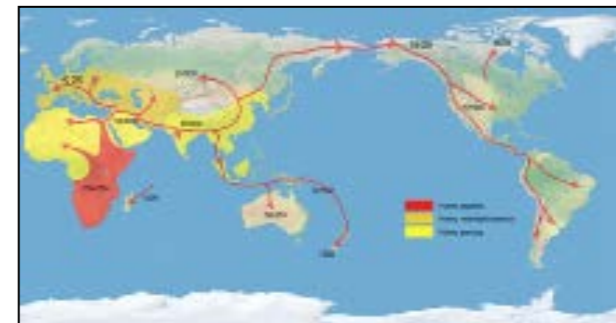
Biocides



Chgt globaux



Expansions



Urbanisation



Nuisibles

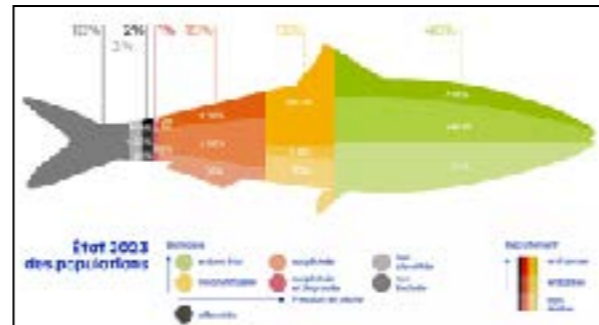


# La génétique pour l'étude et la gestion des populations?

Taille des populations



Dynamiques pop. exploitées



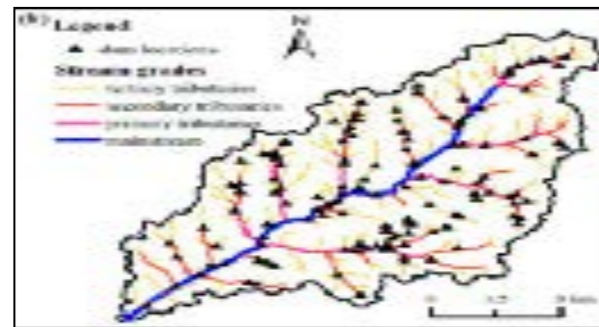
Repeuplement



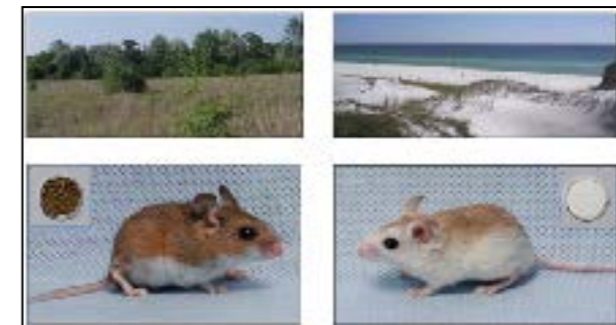
Taille des habitats



Dispersion



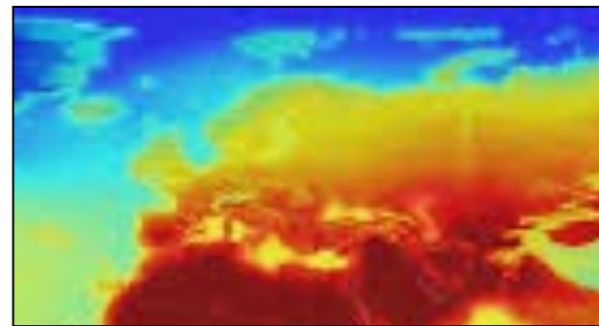
Sélection



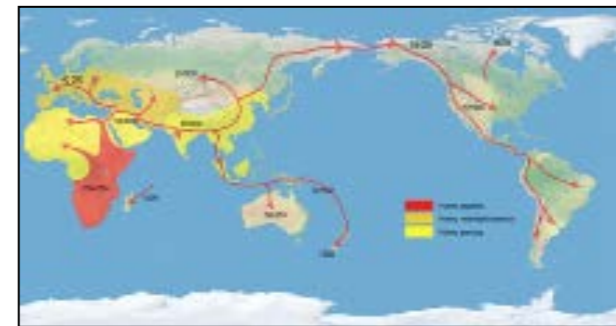
Biocides



Chgt globaux



Expansions



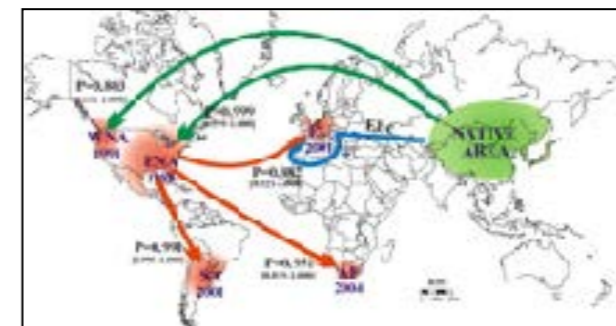
Urbanisation



Nuisibles



Invasions



# L'apport de la résolution génomique - séquençage

# L'apport de la résolution genomique - séquençage

*De 15 à 15M de marqueurs génétiques!*

# L'apport de la résolution génomique - séquençage

*De 15 à 15M de marqueurs génétiques!*

*Analyse de taille de fragments*

*Microsat*

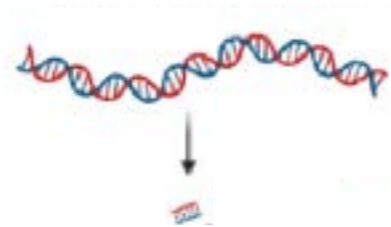


*Quelques régions  
neutres*

# L'apport de la résolution génomique - séquençage

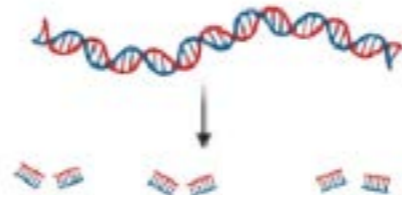
**De 15 à 15M de marqueurs génétiques!**

*Analyse de taille de fragments  
Microsat*



*Quelques régions  
neutres*

*Reséquençage faible résolution  
RADseq*



*Nombreuses régions  
neutres*

*Quelques régions  
sous sélection*

# L'apport de la résolution génomique - séquençage

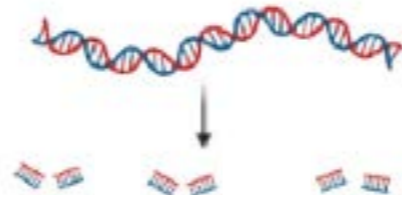
**De 15 à 15M de marqueurs génétiques!**

Analyse de taille de fragments  
Microsat



Quelques régions  
neutres

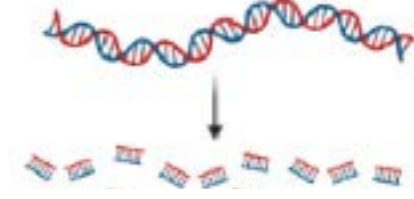
Reséquençage faible résolution  
RADseq



Nombreuses régions  
neutres

Quelques régions  
sous sélection

Reséquençage haute résolution  
WGS



Très nombreuses régions  
neutres

Nombreuses régions  
sous sélection

# L'apport de la résolution génomique - séquençage

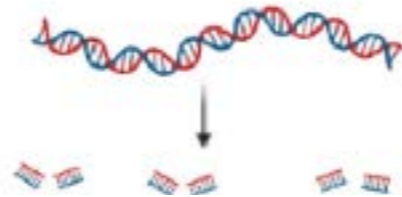
**De 15 à 15M de marqueurs génétiques!**

Analyse de taille de fragments  
Microsat



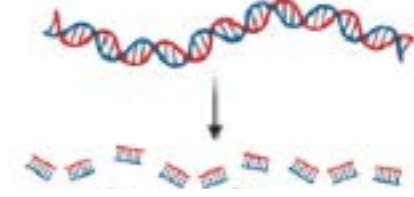
Quelques régions  
neutres

Reséquençage faible résolution  
RADseq



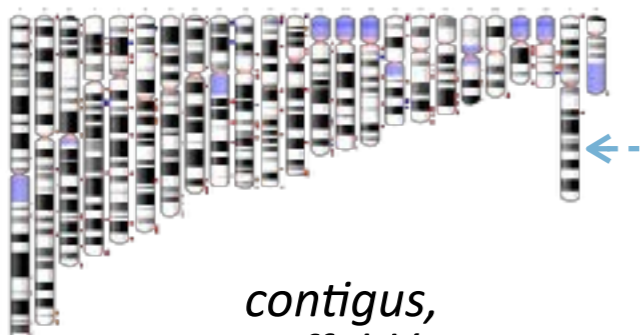
Nombreuses régions  
neutres  
Quelques régions  
sous sélection

Reséquençage haute résolution  
WGS



Très nombreuses régions  
neutres  
Nombreuses régions  
sous sélection

**Conjugué aux génomes de références!**

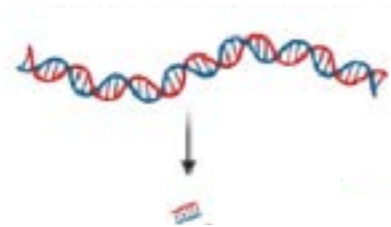


contigus,  
scaffoldés,  
organisés en chromosomes

# L'apport de la résolution génomique - séquençage

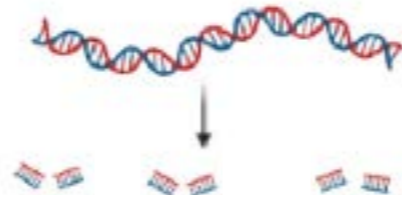
**De 15 à 15M de marqueurs génétiques!**

Analyse de taille de fragments  
Microsat



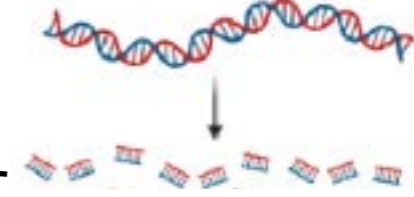
Quelques régions  
neutres

Reséquençage faible résolution  
RADseq



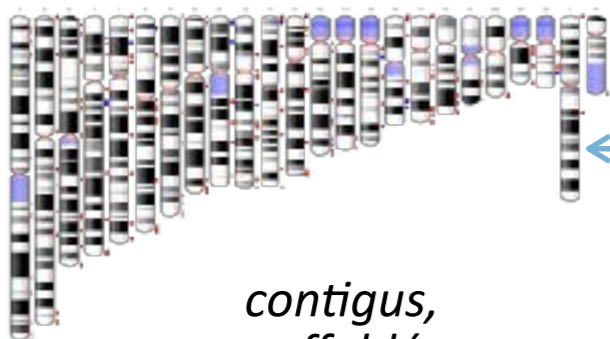
Nombreuses régions  
neutres  
Quelques régions  
sous sélection

Reséquençage haute résolution  
WGS



Très nombreuses régions  
neutres  
Nombreuses régions  
sous sélection

**Conjugué aux génomes de références!**



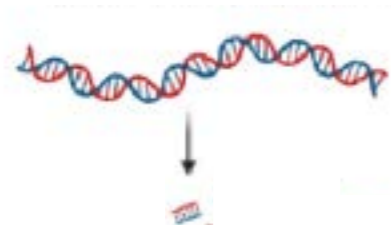
contigus,  
scaffoldés,  
organisés en chromosomes



# L'apport de la résolution génomique - séquençage

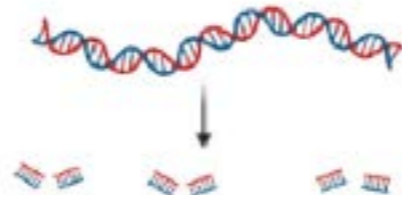
**De 15 à 15M de marqueurs génétiques!**

Analyse de taille de fragments  
Microsat



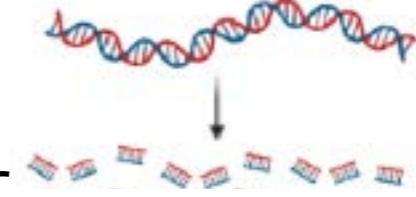
Quelques régions  
neutres

Reséquençage faible résolution  
RADseq



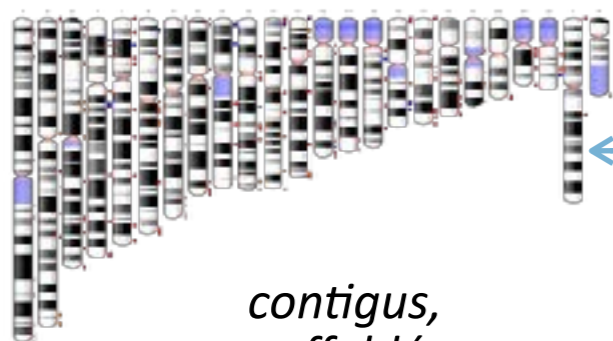
Nombreuses régions  
neutres  
Quelques régions  
sous sélection

Reséquençage haute résolution  
WGS

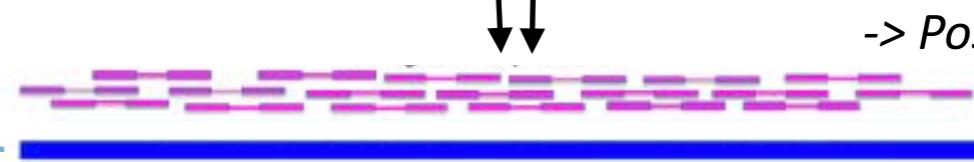


Très nombreuses régions  
neutres  
Nombreuses régions  
sous sélection

**Conjugué aux génomes de références!**



contigus,  
scaffoldés,  
organisés en chromosomes

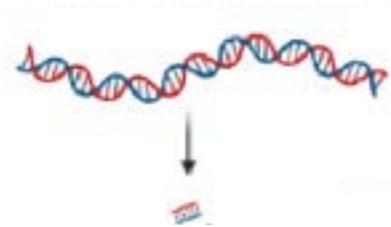


-> Position des marqueurs

# L'apport de la résolution génomique - séquençage

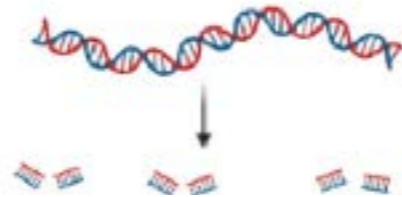
**De 15 à 15M de marqueurs génétiques!**

Analyse de taille de fragments  
Microsat



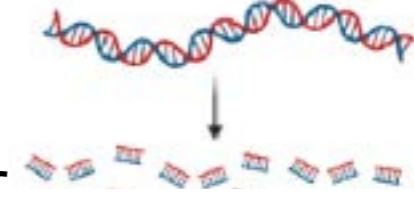
Quelques régions  
neutres

Reséquençage faible résolution  
RADseq



Nombreuses régions  
neutres  
Quelques régions  
sous sélection

Reséquençage haute résolution  
WGS

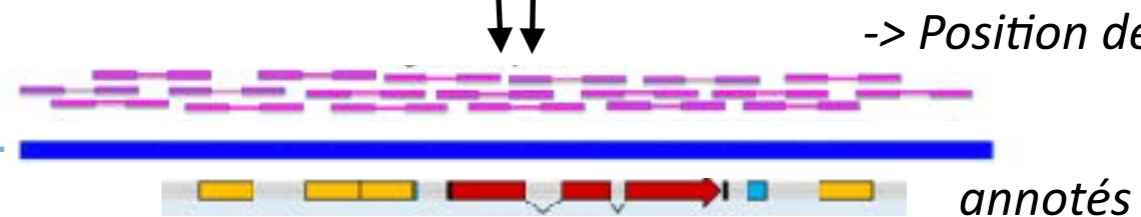


Très nombreuses régions  
neutres  
Nombreuses régions  
sous sélection

**Conjugué aux génomes de références!**



contigus,  
scaffoldés,  
organisés en chromosomes



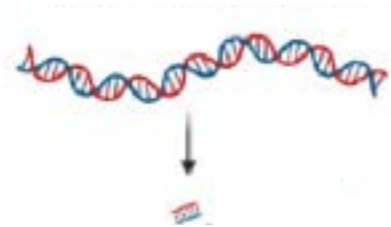
-> Position des marqueurs

annotés

# L'apport de la résolution génomique - séquençage

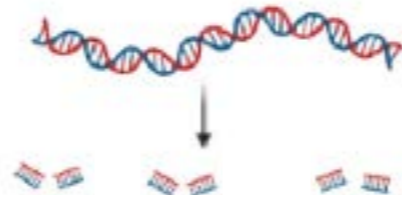
**De 15 à 15M de marqueurs génétiques!**

Analyse de taille de fragments  
Microsat



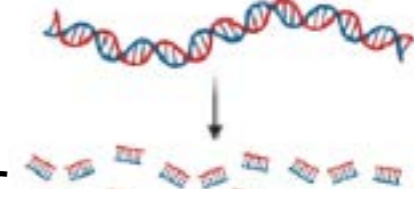
Quelques régions  
neutres

Reséquençage faible résolution  
RADseq



Nombreuses régions  
neutres  
Quelques régions  
sous sélection

Reséquençage haute résolution  
WGS

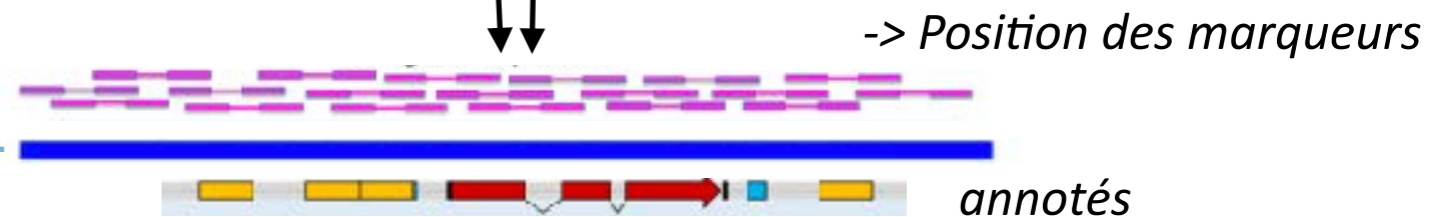


Très nombreuses régions  
neutres  
Nombreuses régions  
sous sélection

**Conjugué aux génomes de références!**



contigus,  
scaffoldés,  
organisés en chromosomes

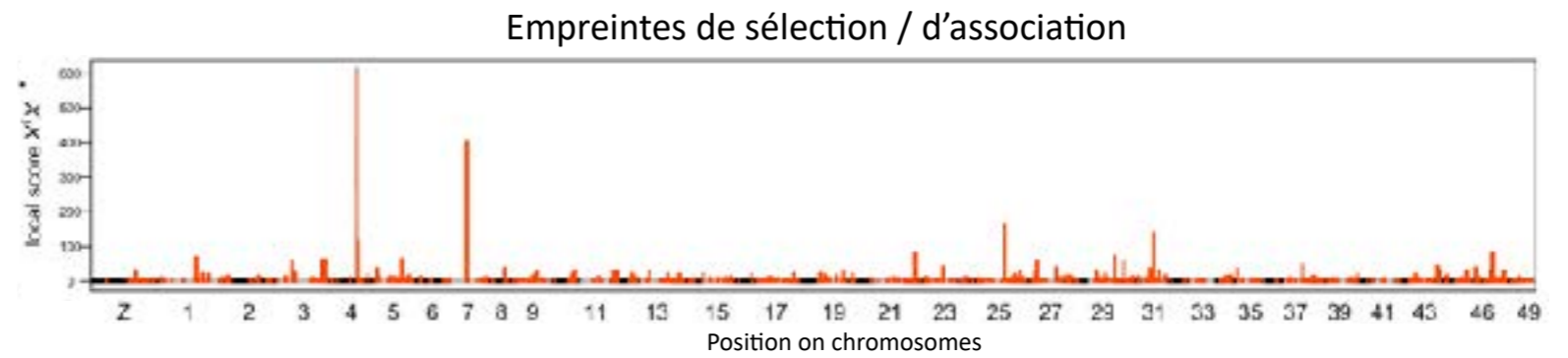


-> Position des marqueurs  
-> Nature des variants

# L'apport de la résolution genomique - statistiques

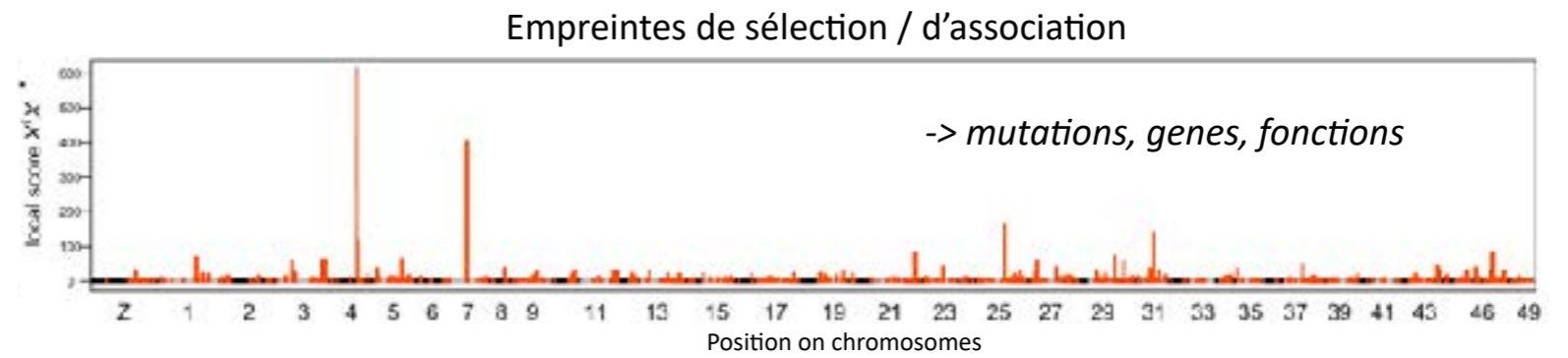
# L'apport de la résolution génomique - statistiques

—> Analyses de sélection et d'associations



# L'apport de la résolution génomique - statistiques

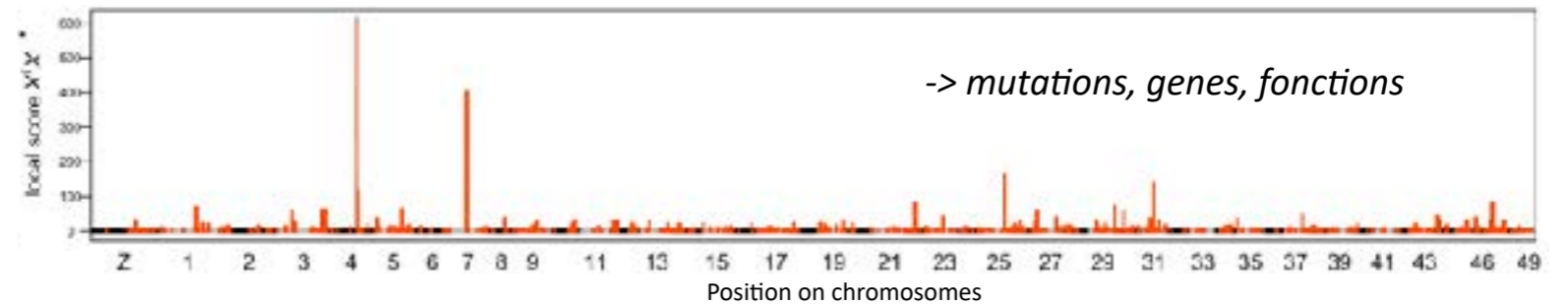
—> Analyses de sélection et d'associations



# L'apport de la résolution génomique - statistiques

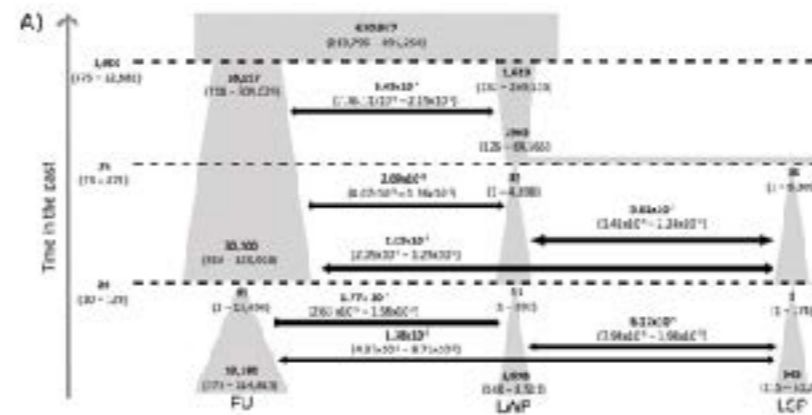
—> Analyses de sélection et d'associations

Empreintes de sélection / d'association

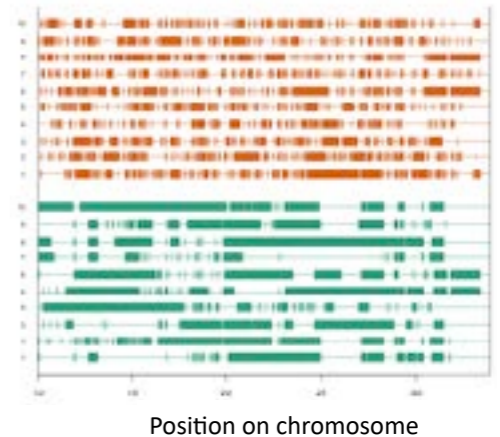


—> Analyses neutres de démographie, consanguinité, structure de populations

Flux géniques et taille efficace



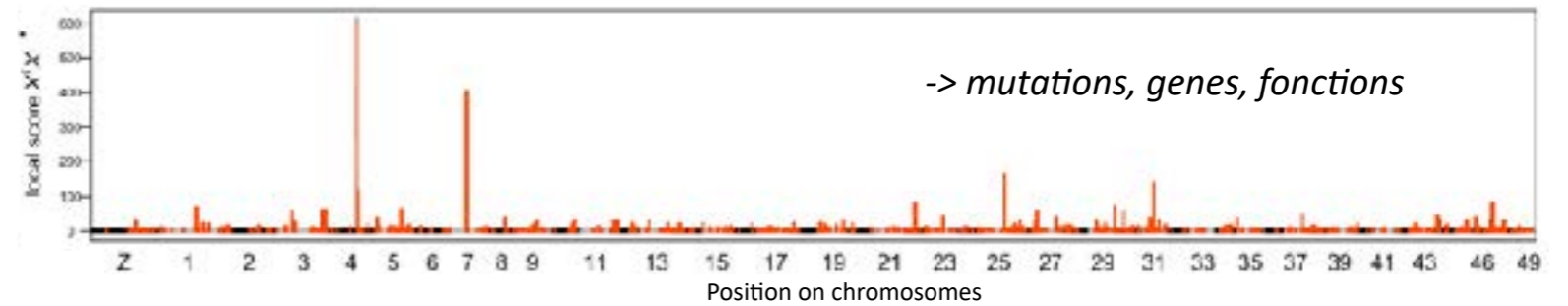
Consanguinité génomique



# L'apport de la résolution génomique - statistiques

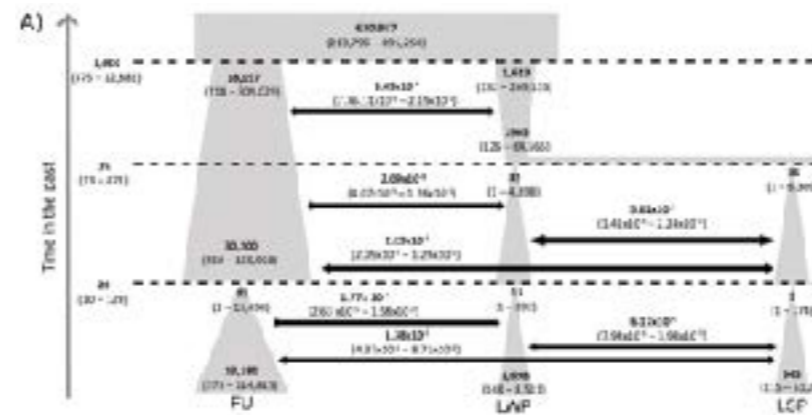
—> Analyses de sélection et d'associations

Empreintes de sélection / d'association

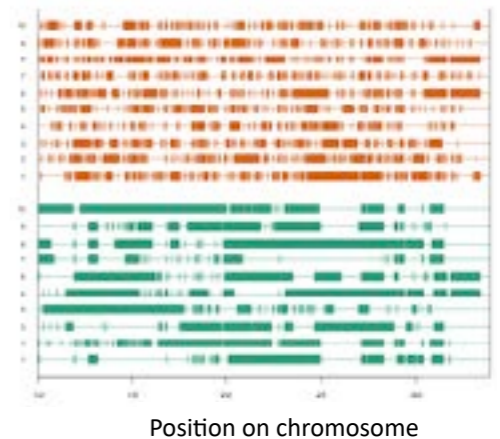


—> Analyses neutres de démographie, consanguinité, structure de populations

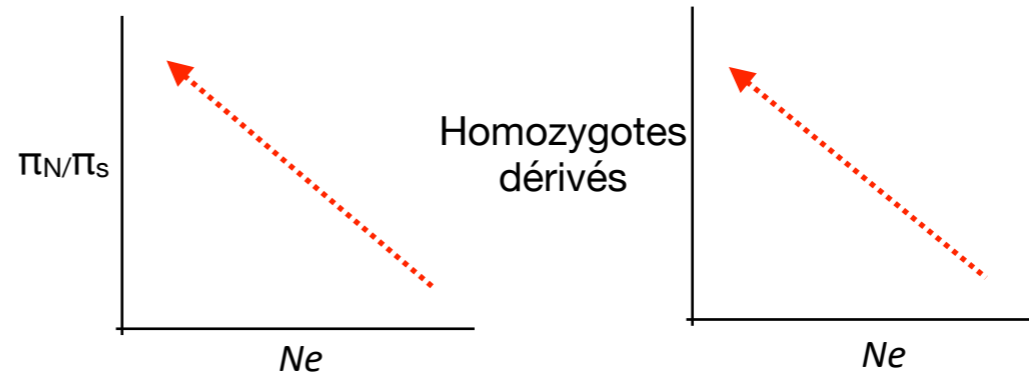
Flux géniques et taille efficace



Consanguinité génomique



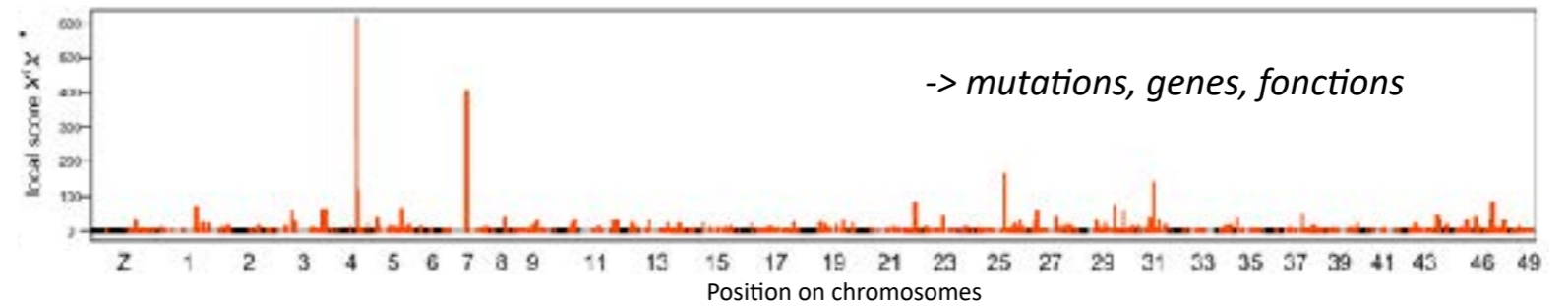
—> Fardeau génétique de mutations délétères



# L'apport de la résolution génomique - statistiques

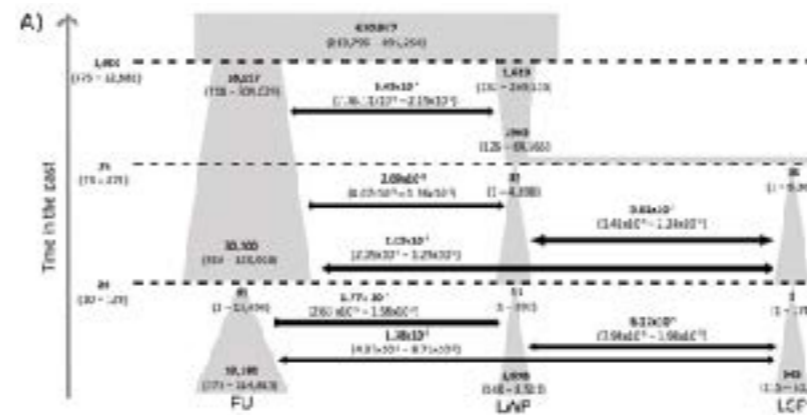
—> Analyses de sélection et d'associations

Empreintes de sélection / d'association

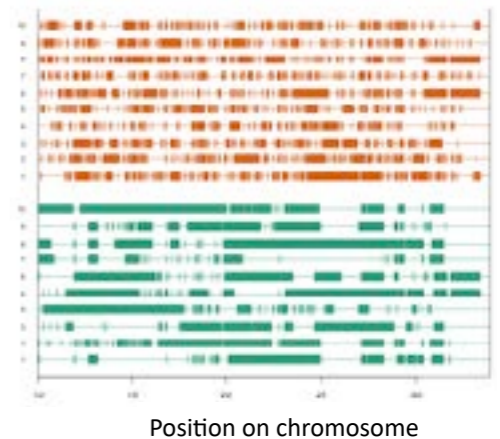


—> Analyses neutres de démographie, consanguinité, structure de populations

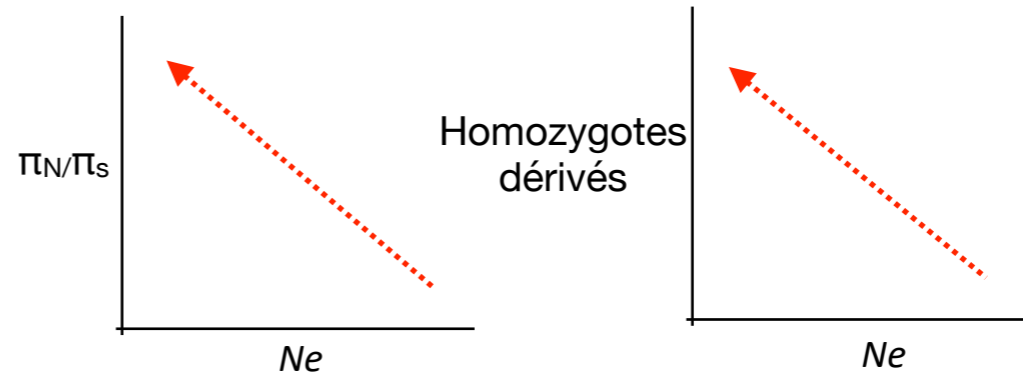
Flux géniques et taille efficace



Consanguinité génomique

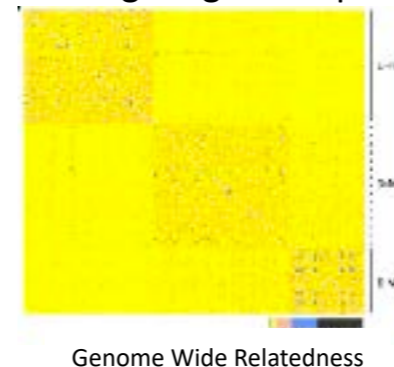


—> Fardeau génétique de mutations délétères

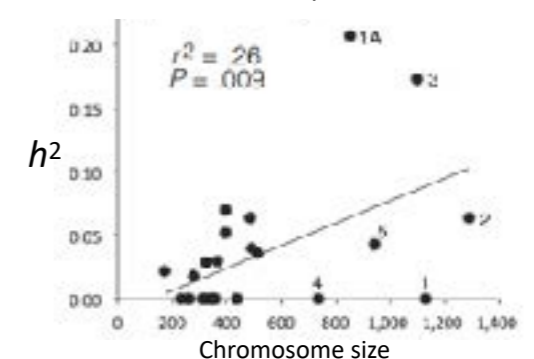


—> Génomique quantitative en populations naturelles

Pedigree génomique



Variance additive, héritabilité

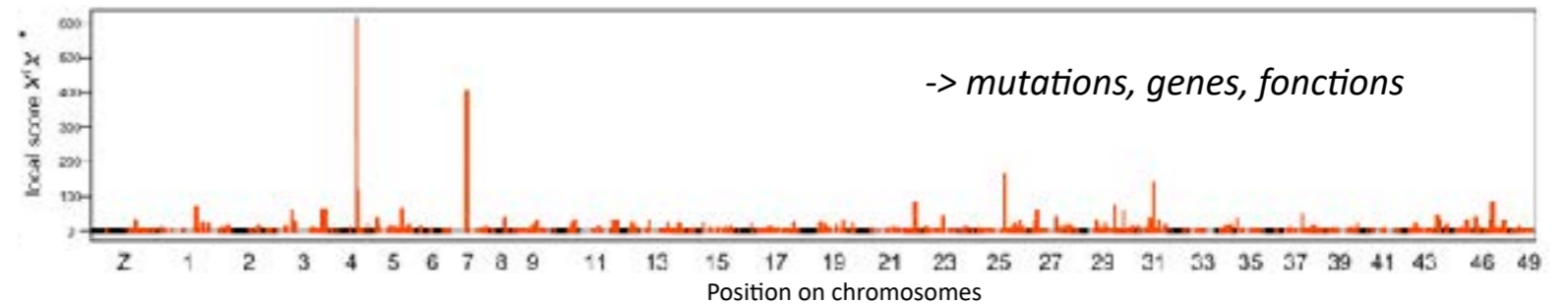


# L'apport de la résolution génomique - statistiques

## 2 exemples

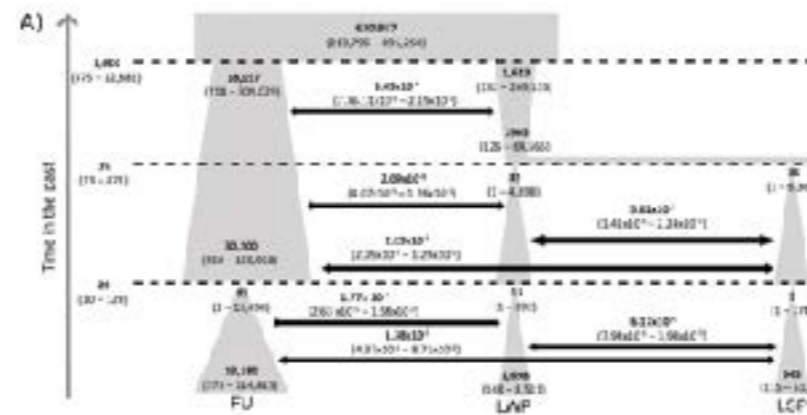
—> Analyses de sélection et d'associations

Empreintes de sélection / d'association

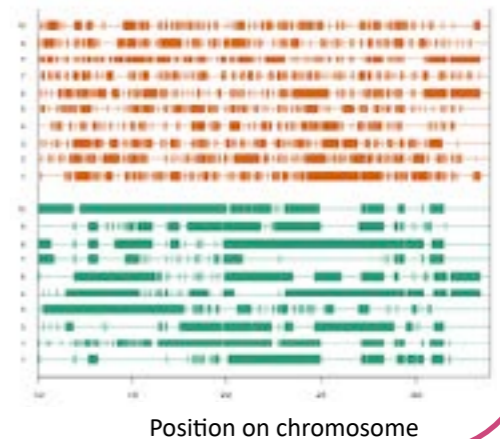


—> Analyses neutres de démographie, consanguinité, structure de populations

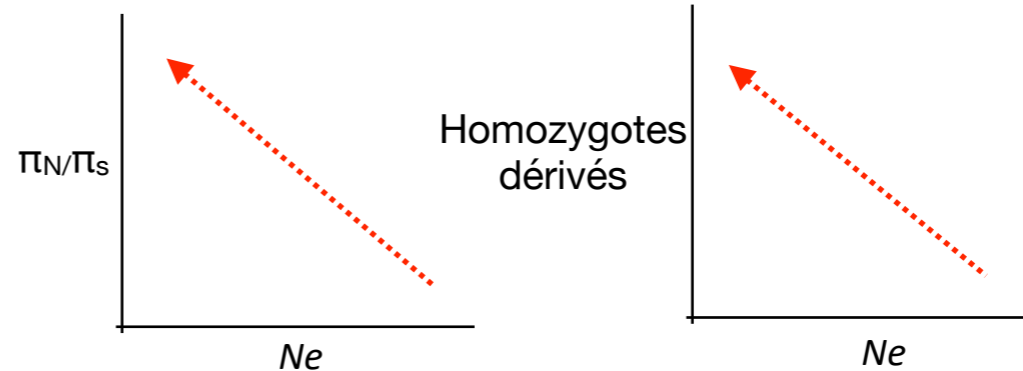
Flux géniques et taille efficace



Consanguinité génomique

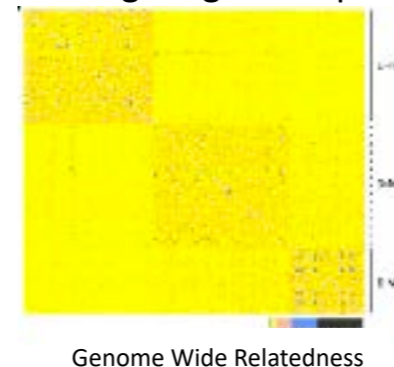


—> Fardeau génétique de mutations délétères

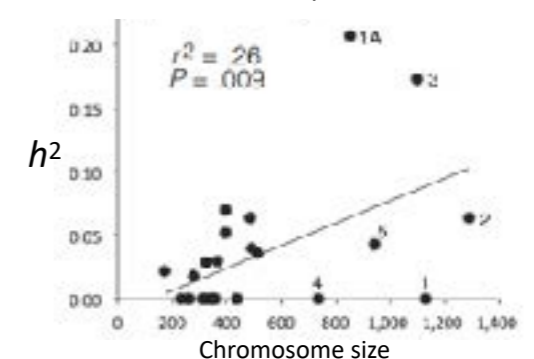


—> Génomique quantitative en populations naturelles

Pedigree génomique



Variance additive, héritabilité

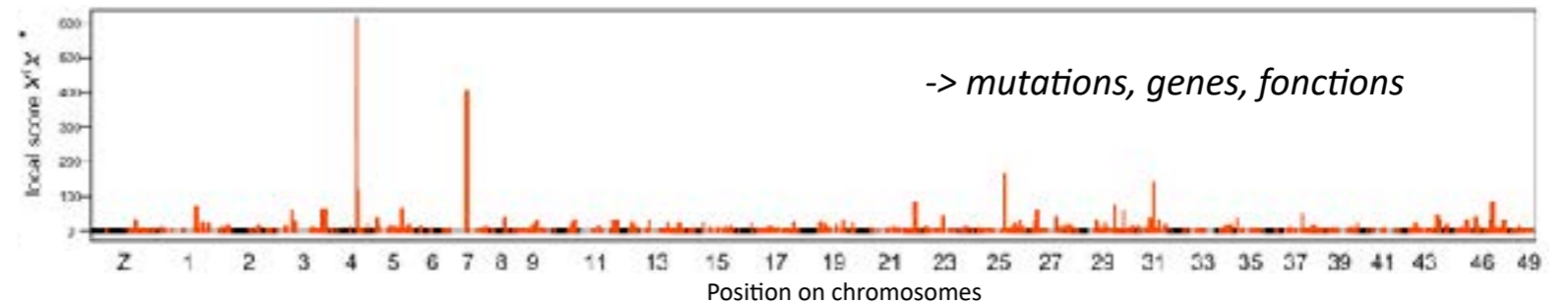


# L'apport de la résolution génomique - statistiques

## 2 exemples

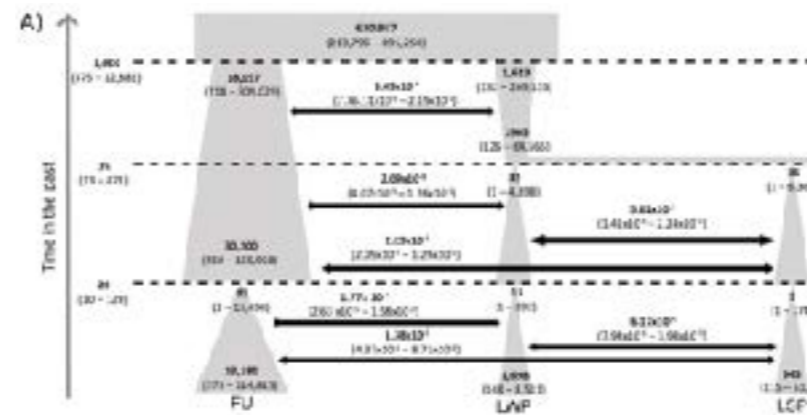
—> Analyses de sélection et d'associations

Empreintes de sélection / d'association

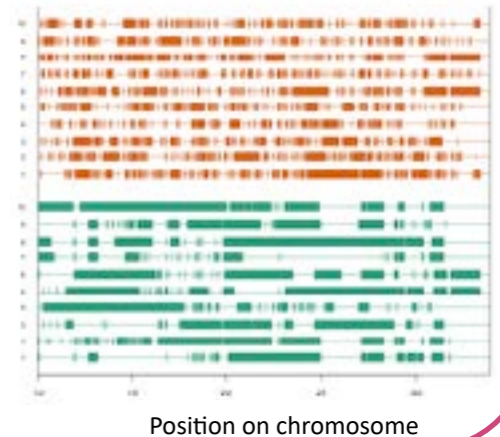


—> Analyses neutres de démographie, consanguinité, structure de populations

Flux géniques et taille efficace

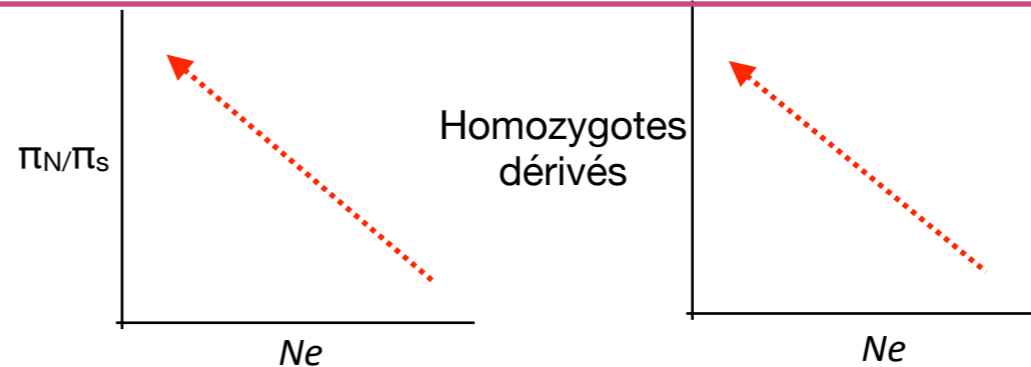


Consanguinité génomique



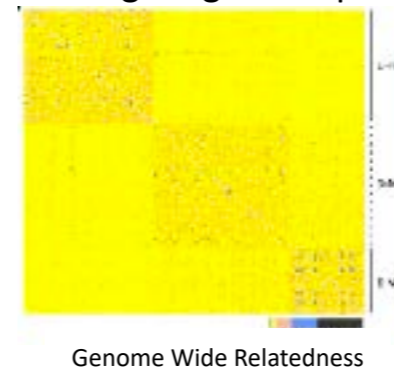
—> Fardeau génétique de mutations délétères

## Projet

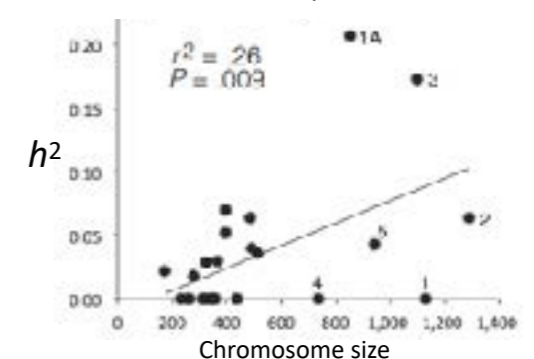


—> Génomique quantitative en populations naturelles

Pedigree génomique



Variance additive, héritabilité



# La génomique pour l'étude d'une divergence allochronique



*Thaumetopoea pityocampa*

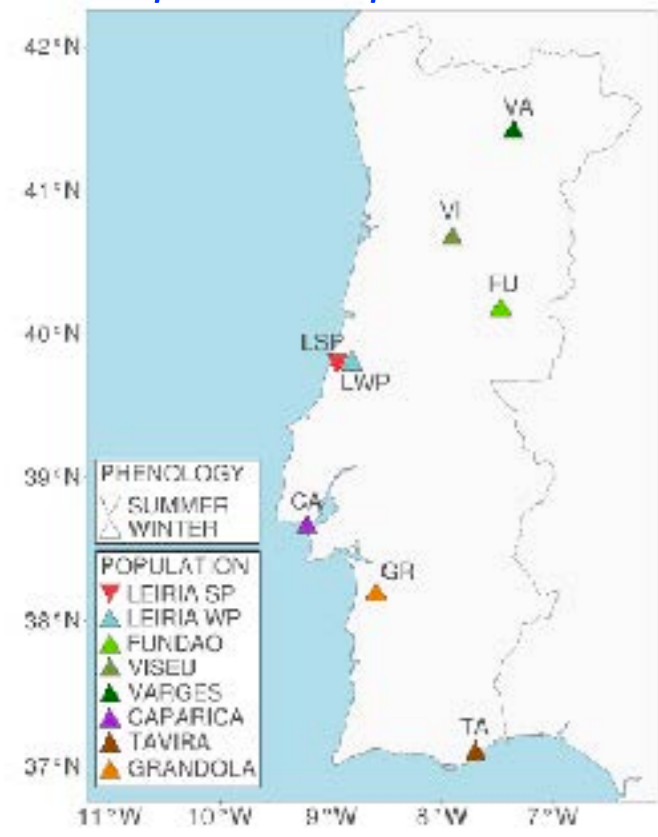
*Classiquement : procession l'hiver*

# La génomique pour l'étude d'une divergence allochronique



*Thaumetopoea pityocampa*

Classiquement : procession l'hiver

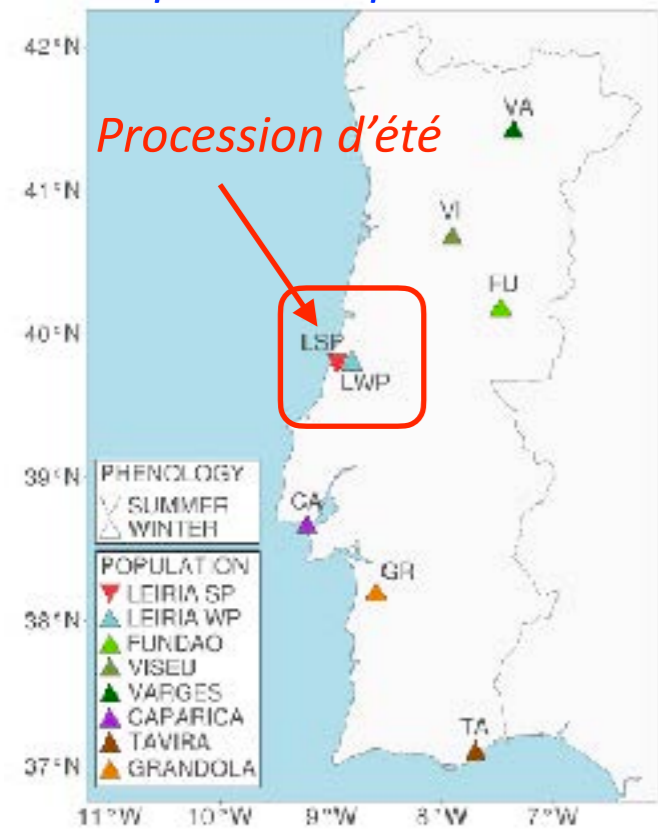


# La génomique pour l'étude d'une divergence allochronique



*Thaumetopoea pityocampa*

Classiquement : procession l'hiver

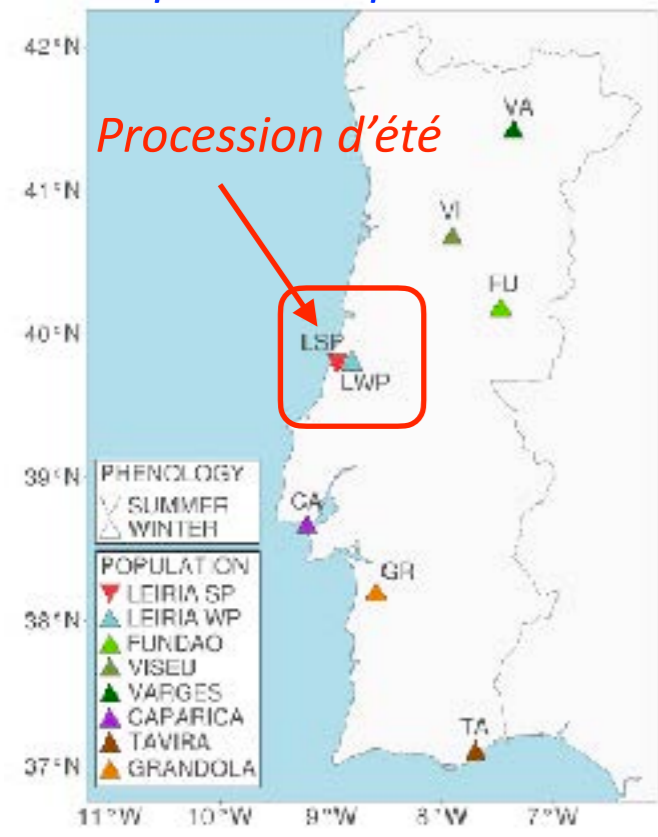


# La génomique pour l'étude d'une divergence allochronique



*Thaumetopoea pityocampa*

Classiquement : procession l'hiver



Leblois et al. 2018

*RADseq*

*Genome ref non scaffolé*

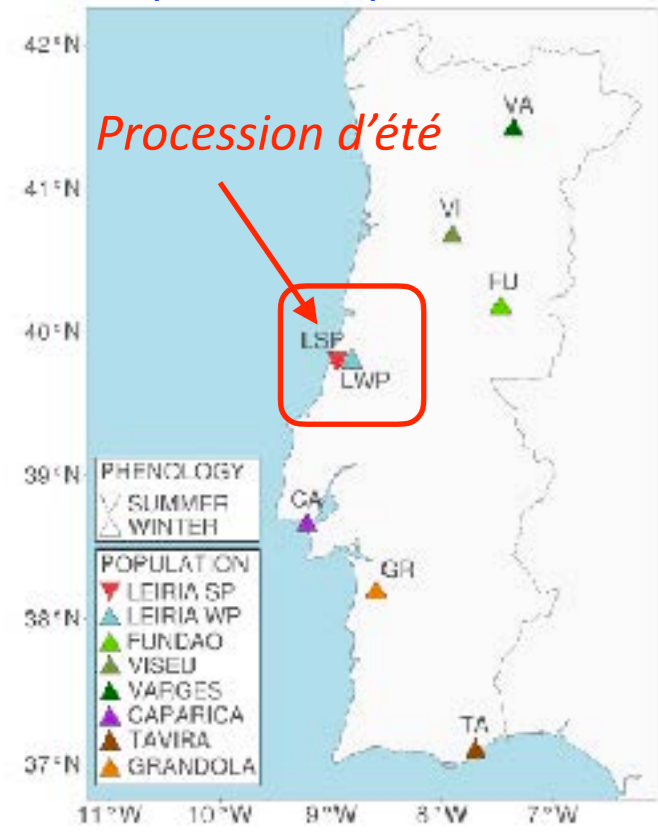
*6,500 SNPs ind*  
*60,000 SNPs pool*

# La génomique pour l'étude d'une divergence allochronique

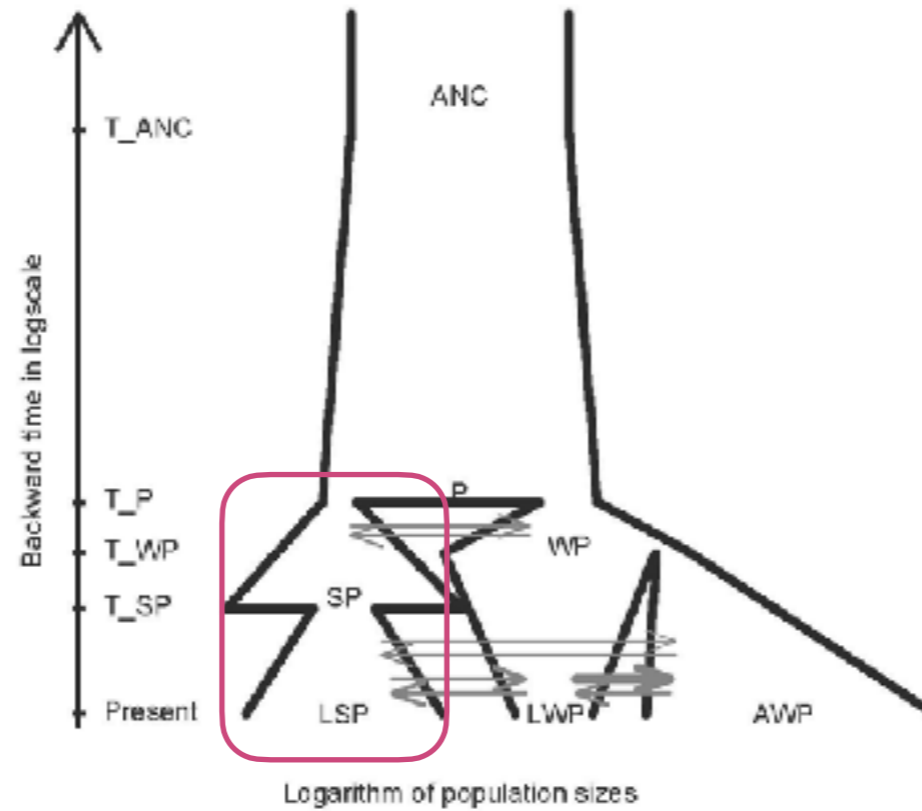


*Thaumetopoea pityocampa*

Classiquement : procession l'hiver



Inférences démographiques



Leblois et al. 2018

*RADseq*  
*Genome ref non scaffoldé*

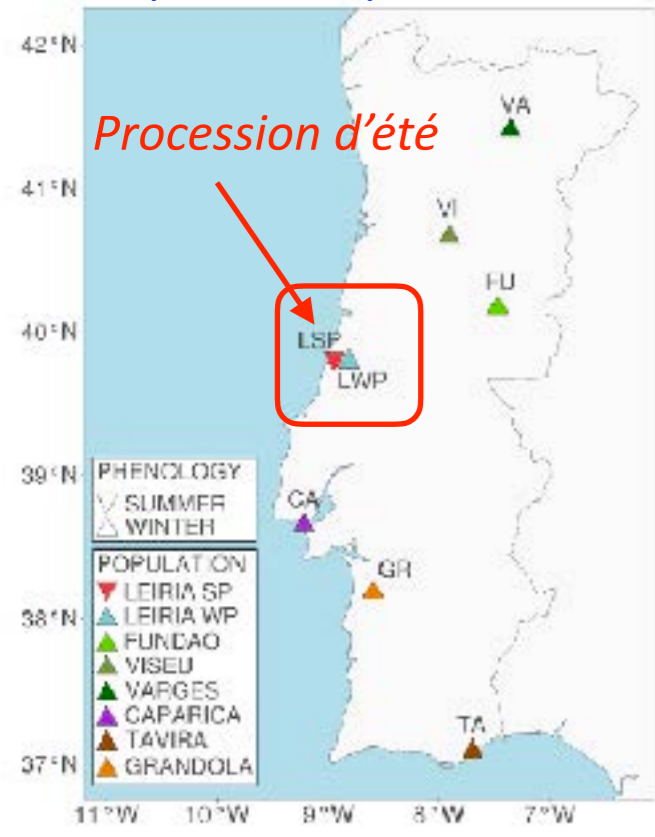
*6,500 SNPs ind*  
*60,000 SNPs pool*

# La génomique pour l'étude d'une divergence allochronique



*Thaumetopoea pityocampa*

Classiquement : procession l'hiver

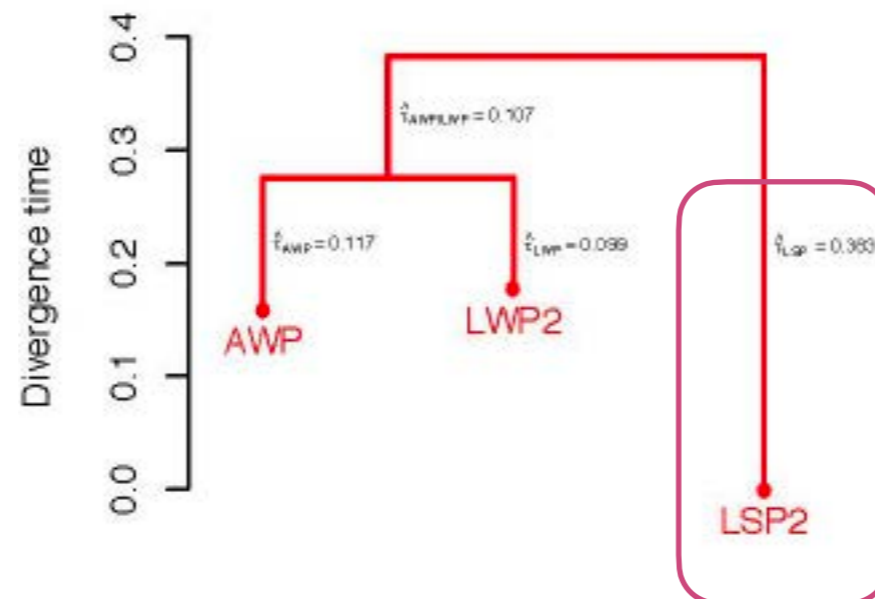
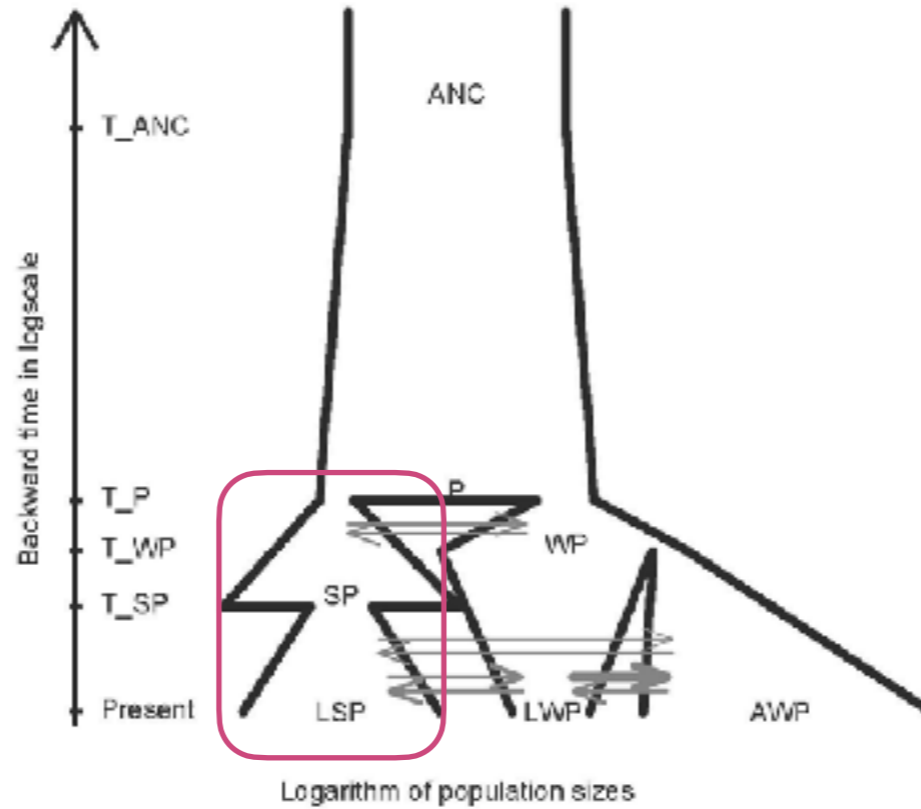


Leblois et al. 2018

RADseq  
Genome ref non scaffolé

6,500 SNPs ind  
60,000 SNPs pool

## Inférences démographiques

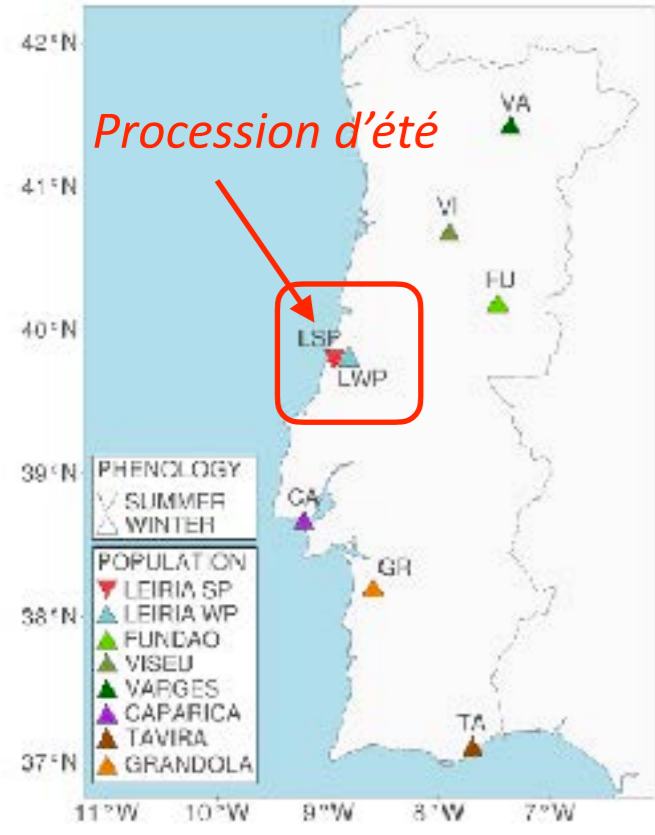


# La génomique pour l'étude d'une divergence allochronique



*Thaumetopoea pityocampa*

Classiquement : procession l'hiver

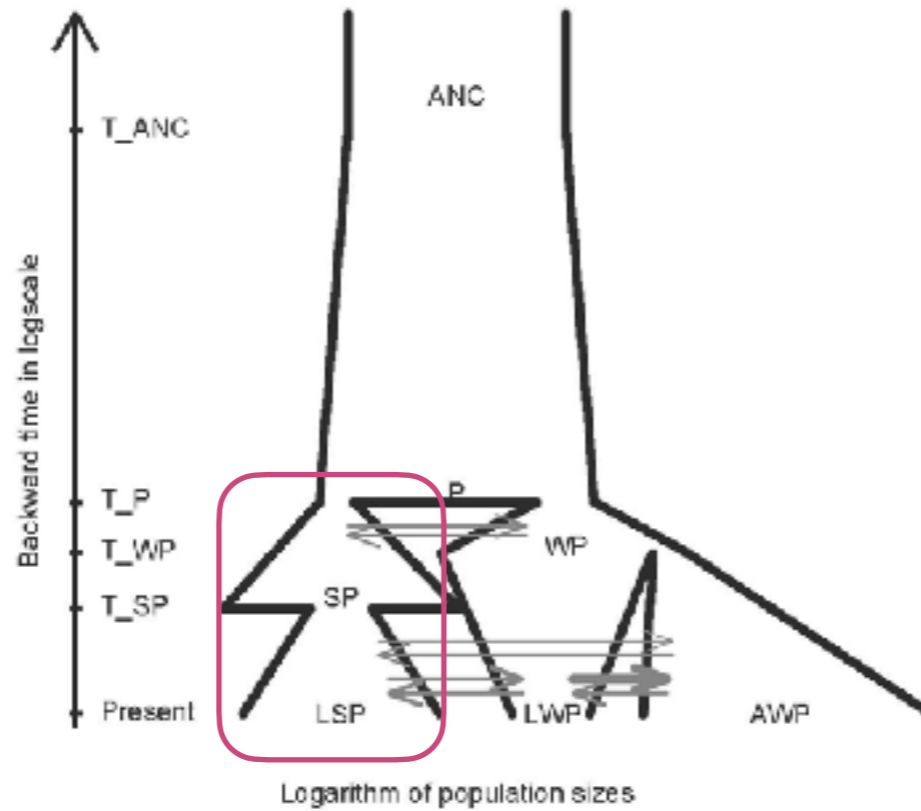


Leblois et al. 2018

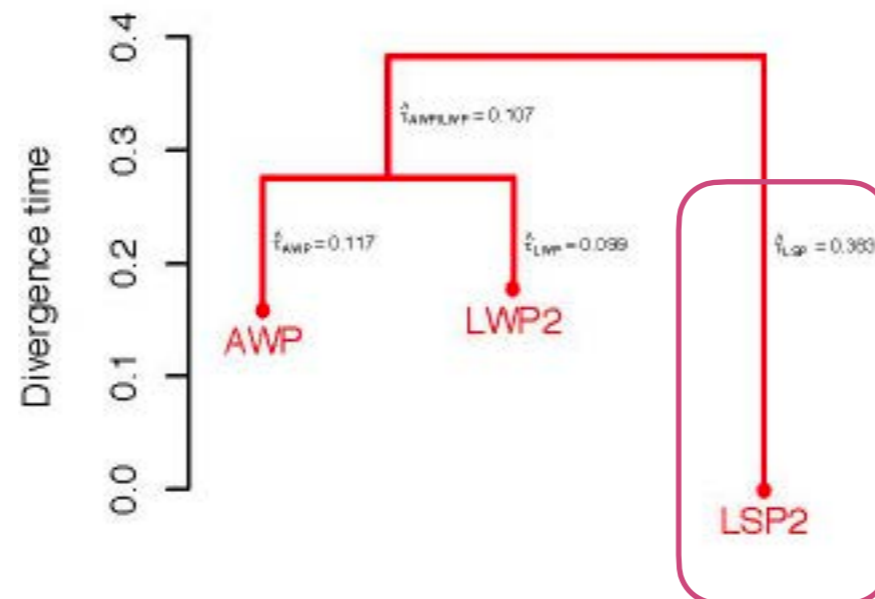
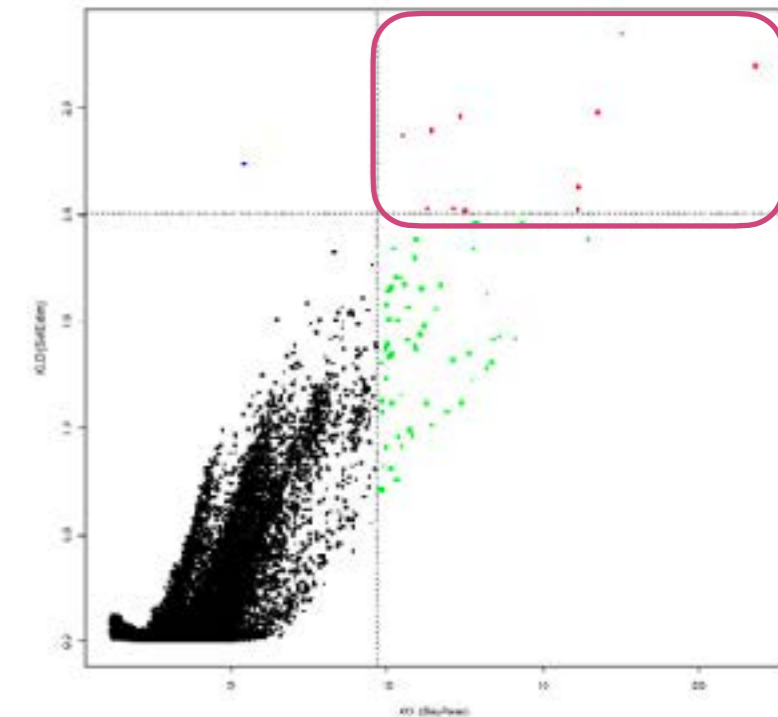
RADseq  
Genome ref non scaffolé

6,500 SNPs ind  
60,000 SNPs pool

## Inférences démographiques



## Balayages génomiques



# La génomique pour l'étude d'une divergence allochronique

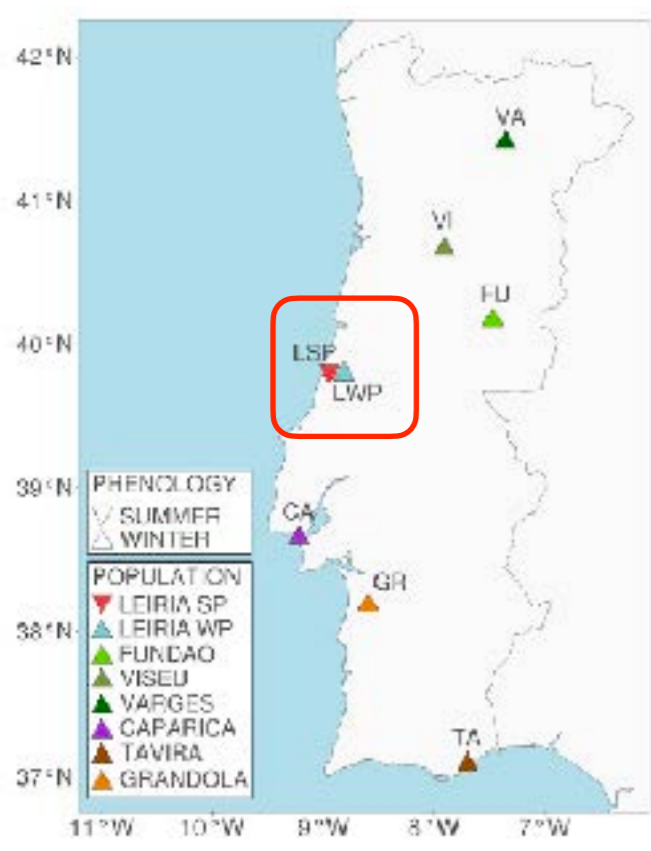


Tanguy



INDseq  
POOLseq

Genome ref scaffoldé  
8 à 15,000,000 SNPs



## MOLECULAR ECOLOGY

ORIGINAL ARTICLE [Open Access](#)

2025

### Population Genomics of Incipient Allochronic Divergence in the Pine Processionary Moth

Tanguy Muller Mathieu Gaucier Eric Lombardi Raphaël Leblais Laure Sauné Manuela Branco Carole Kerielhué Charles Perrier

# La génomique pour l'étude d'une divergence allochronique



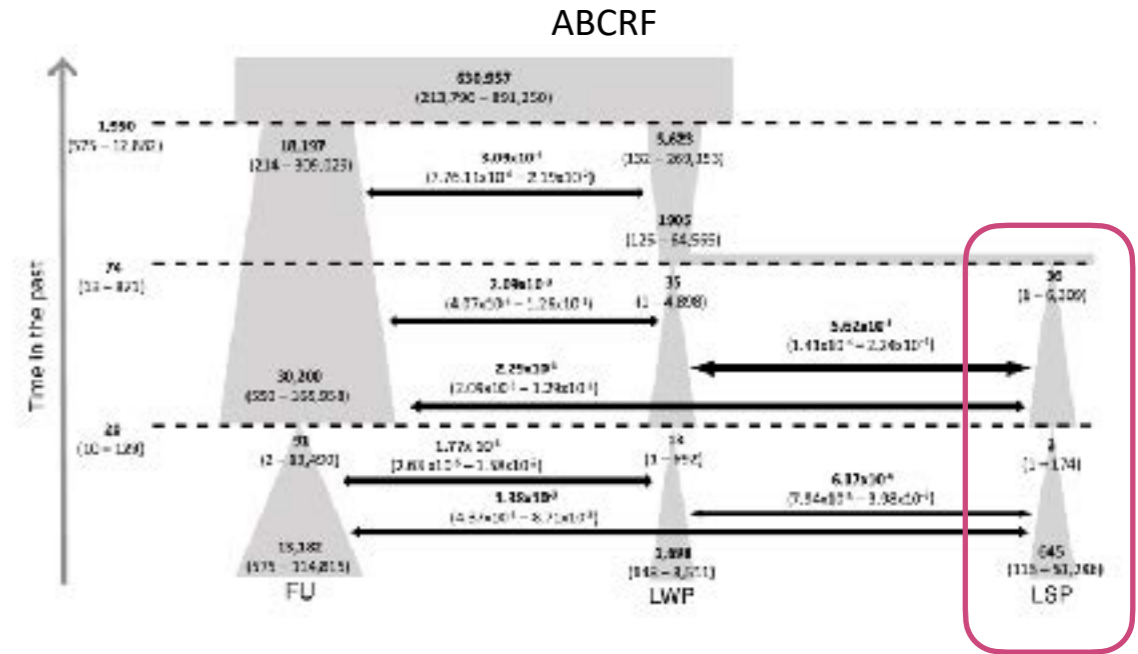
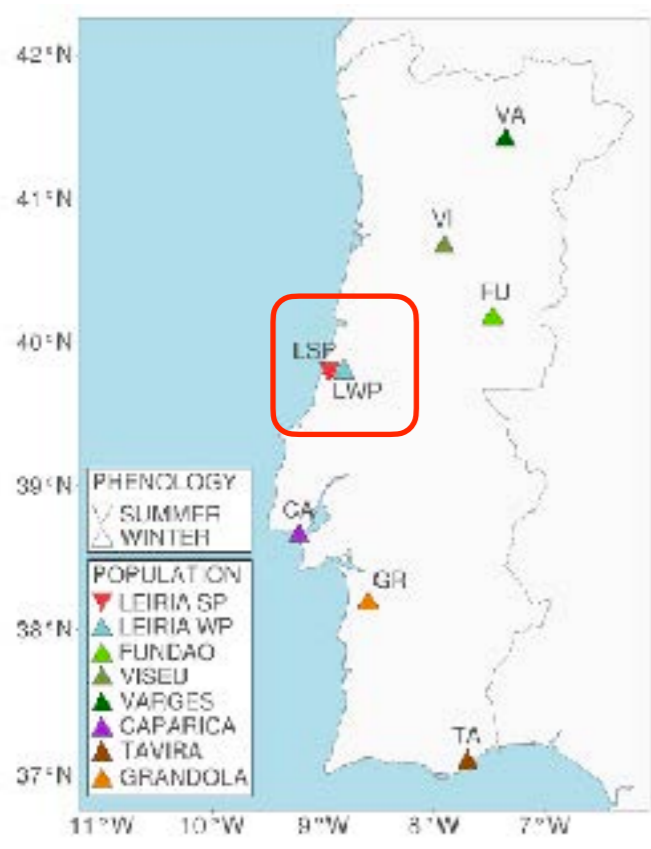
Tanguy



INDseq  
POOLseq

Genome ref scaffoldé  
8 à 15,000,000 SNPs

Scénario de divergence?  
*Gain +*



## MOLECULAR ECOLOGY

ORIGINAL ARTICLE

2025

### Population Genomics of Incipient Allochronic Divergence in the Pine Processionary Moth

Tanguy Muller , Mathieu Gaudier , Eric Lombaert , Raphaël Leblois , Laure Sauné , Manuela Branco , Carole Kerdelhut , Charles Perrier

# La génomique pour l'étude d'une divergence allochronique



Tanguy

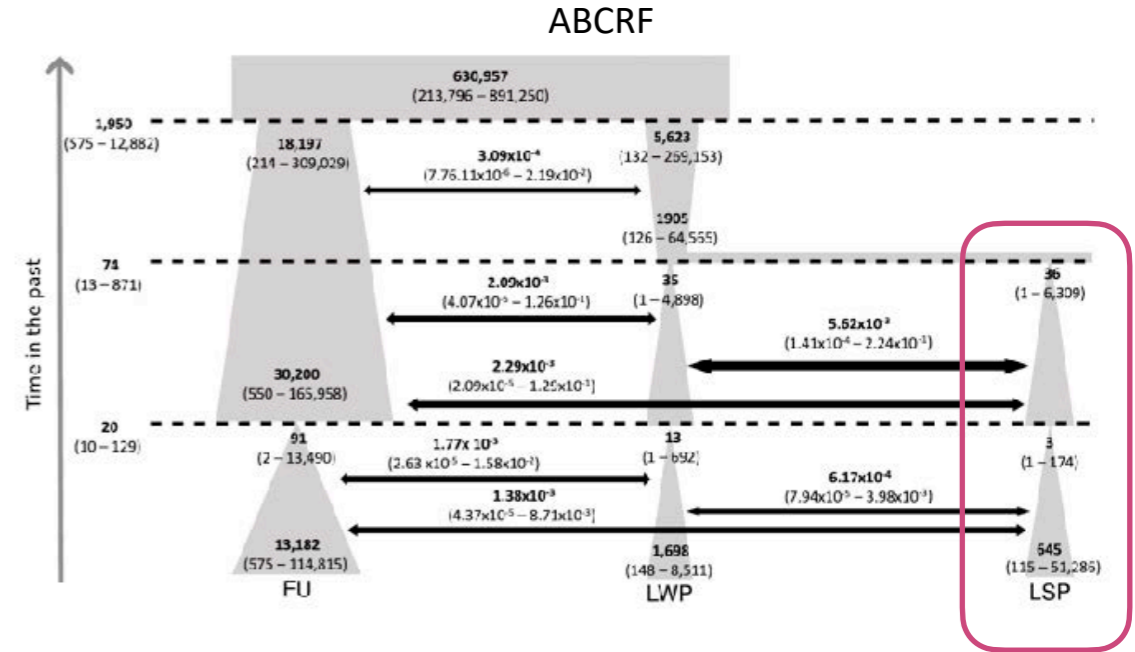


INDseq  
POOLseq

Genome ref scaffoldé  
8 à 15,000,000 SNPs

Scénario de divergence?

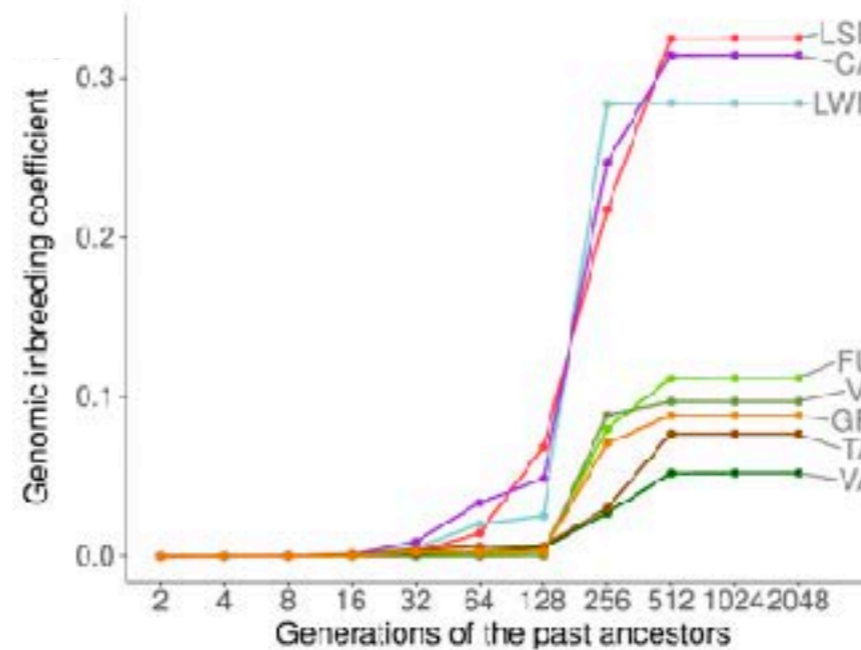
Gain +



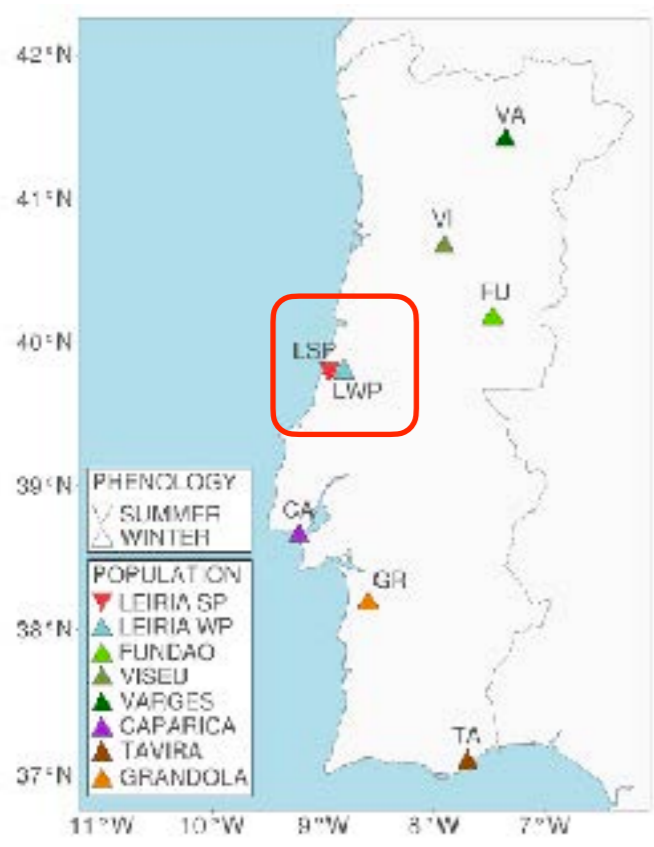
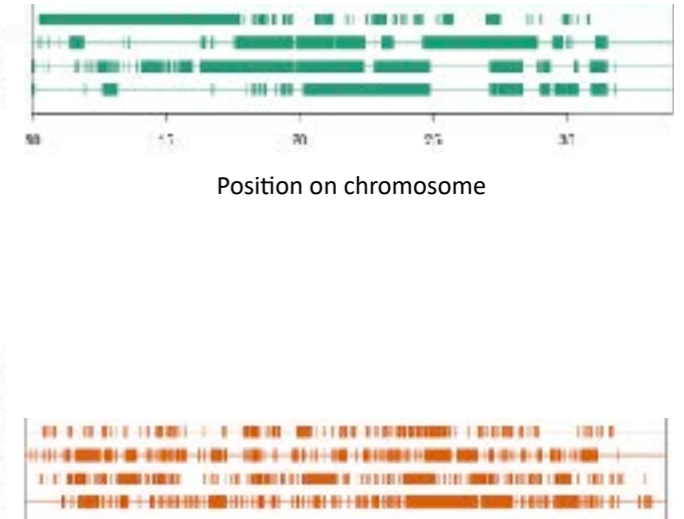
Niveau de consanguinité?

Gain +++

Consanguinité génomique



Runs d'autozygotie



MOLECULAR ECOLOGY

ORIGINAL ARTICLE Open Access

2025

Population Genomics of Incipient Allochronic Divergence in the Pine Processionary Moth

Tanguy Muller Mathieu Gaudier Eric Lombaert Raphaël Leblois Laure Sauné Manuela Branco Carole Kerdelhut Charles Perrier

# La génomique pour l'étude d'une divergence allochronique



Tanguy

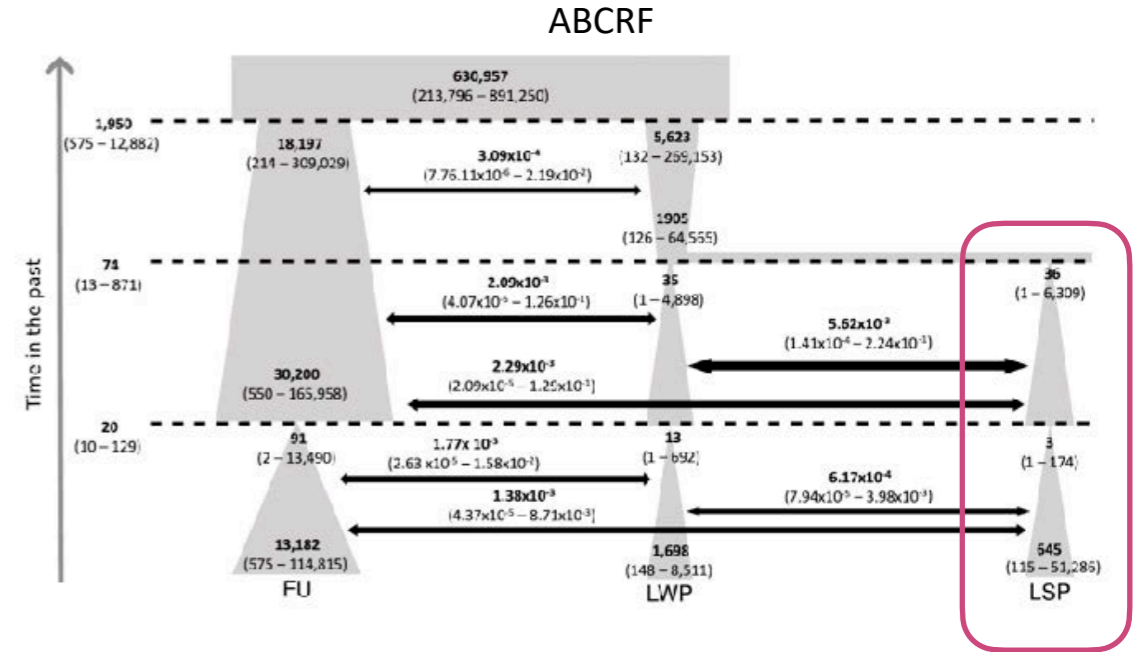


INDseq  
POOLseq

Genome ref scaffoldé  
8 à 15,000,000 SNPs

Scénario de divergence?

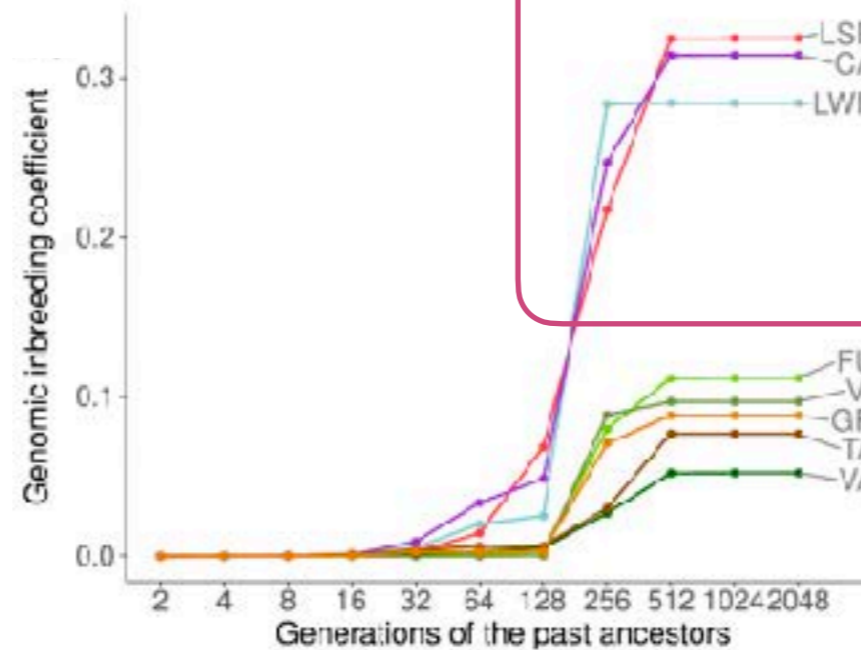
Gain +



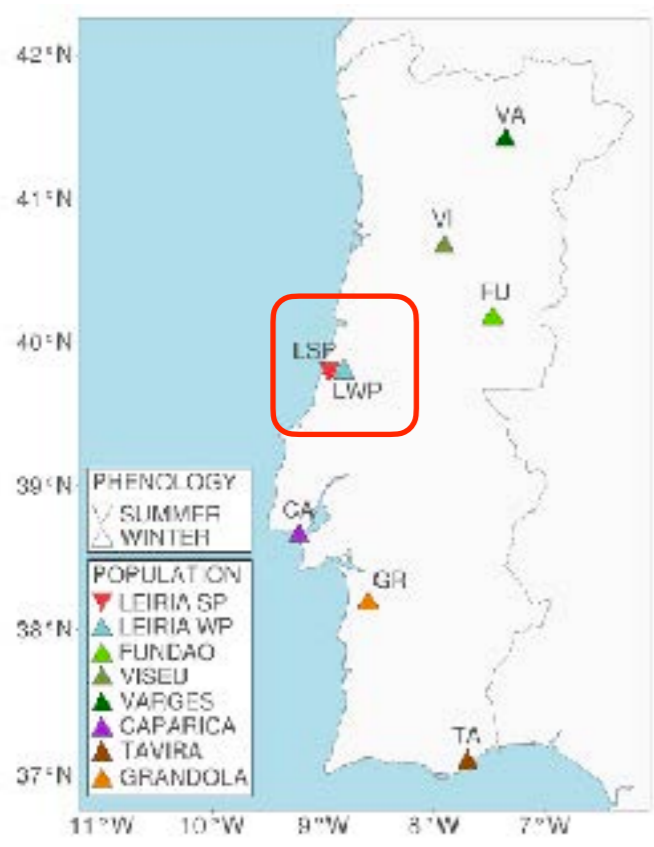
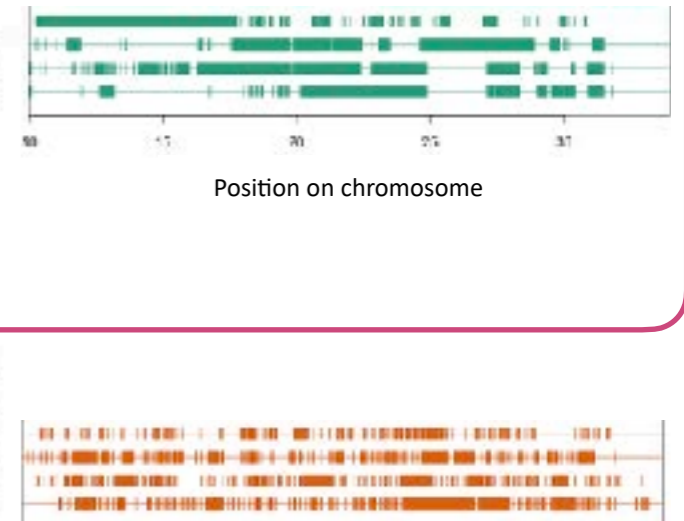
Niveau de consanguinité?

Gain +++

Consanguinité génomique



Runs d'autozygotie



## MOLECULAR ECOLOGY

ORIGINAL ARTICLE Open Access

2025

### Population Genomics of Incipient Allochronic Divergence in the Pine Processionary Moth

Tanguy Muller Mathieu Gaudier Eric Lombaert Raphaël Leblais Laure Sauné Manuela Branco Carole Kerdelhut Charles Perrier

# La génomique pour l'étude d'une divergence allochronique



Tanguy

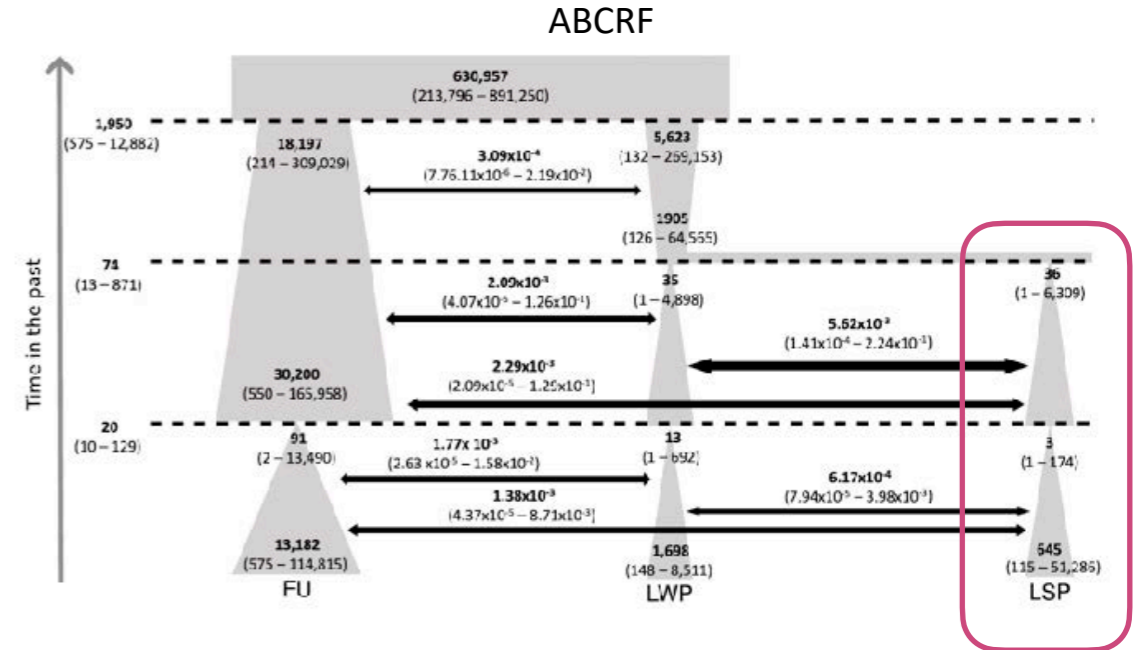


INDseq  
POOLseq

Genome ref scaffoldé  
8 à 15,000,000 SNPs

Scénario de divergence?

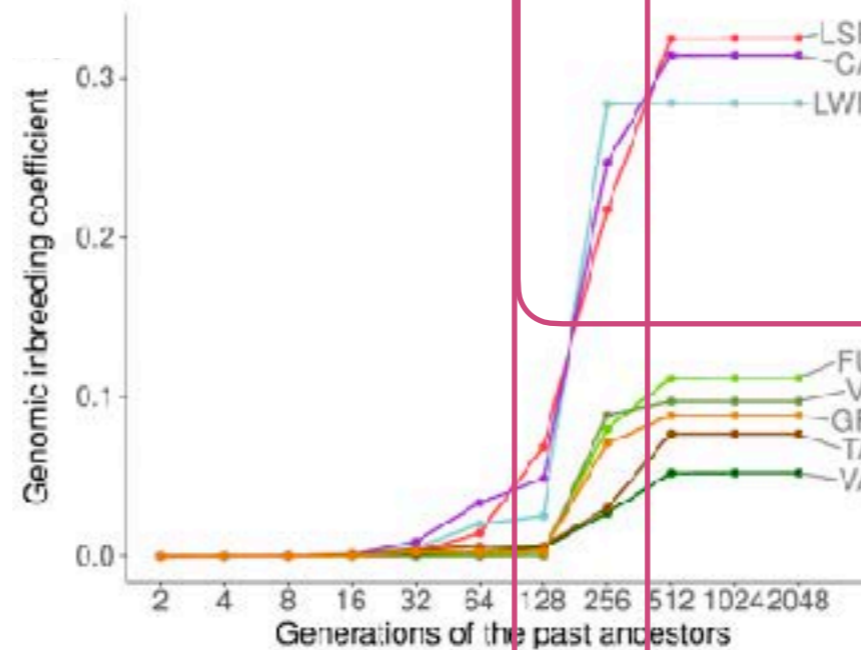
Gain +



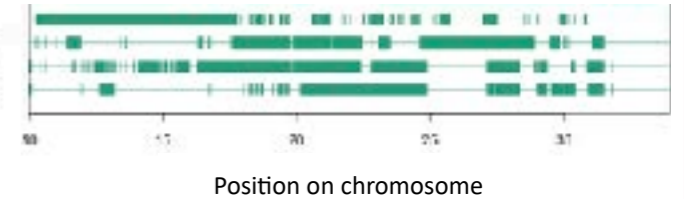
Niveau de consanguinité?

Gain +++

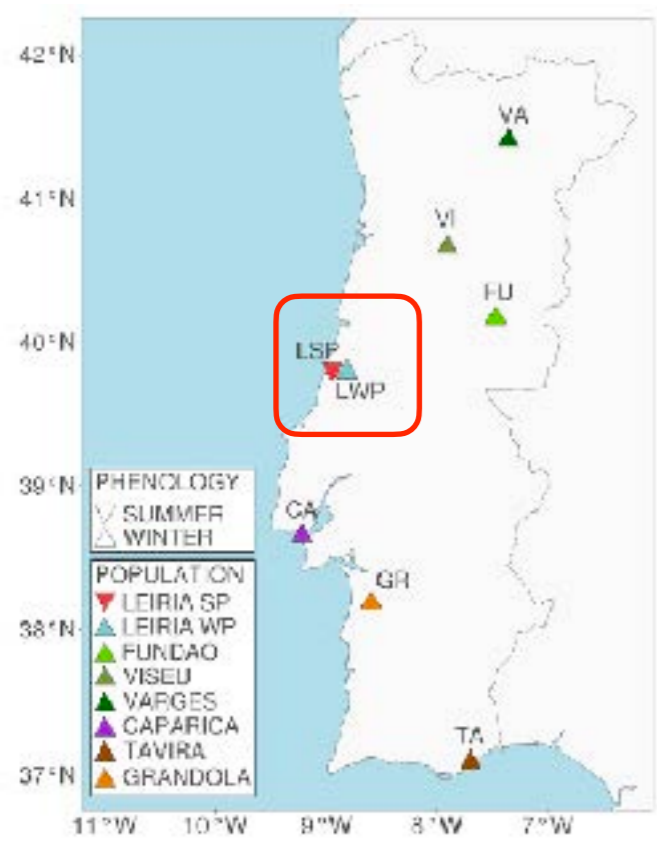
Consanguinité génomique



Runs d'autozygotie



Consanguinité récente dans de nombreuses populations



MOLECULAR ECOLOGY

ORIGINAL ARTICLE Open Access

2025

Population Genomics of Incipient Allochronic Divergence in the Pine Processionary Moth

Tanguy Muller Mathieu Gaudier Eric Lombaert Raphaël Leblais Laure Sauné Manuela Branco Carole Kerielhuat Charles Perrier

# La génomique pour l'étude d'une divergence allochronique



Tanguy

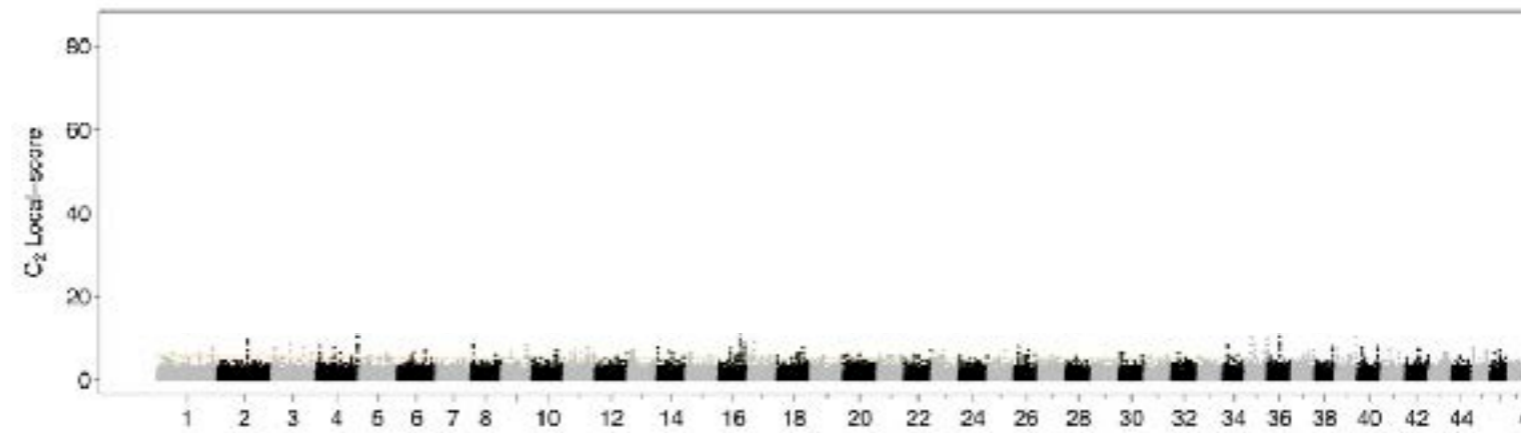
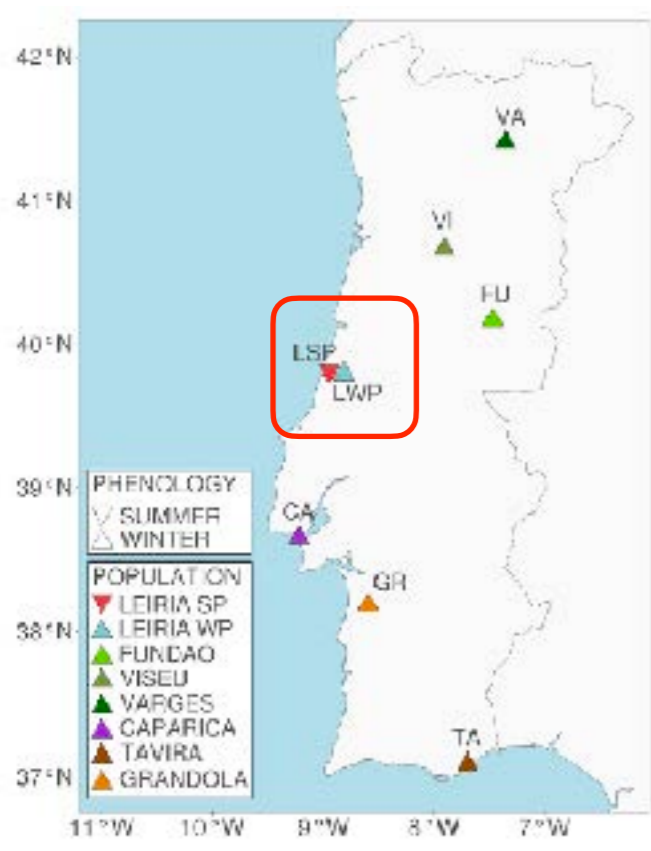


INDseq  
POOLseq

Genome ref scaffoldé  
8 à 15,000,000 SNPs

Bases génomiques  
associées à l'allochronie?

Gain +++



## MOLECULAR ECOLOGY

ORIGINAL ARTICLE Open Access

2025

### Population Genomics of Incipient Allochronic Divergence in the Pine Processionary Moth

Tanguy Muller , Mathieu Gauzier, Eric Lombaert, Raphaël Leblois, Laure Sauné, Manuela Branco, Carole Kerielhuc, Charles Perrier

# La génomique pour l'étude d'une divergence allochronique



Tanguy



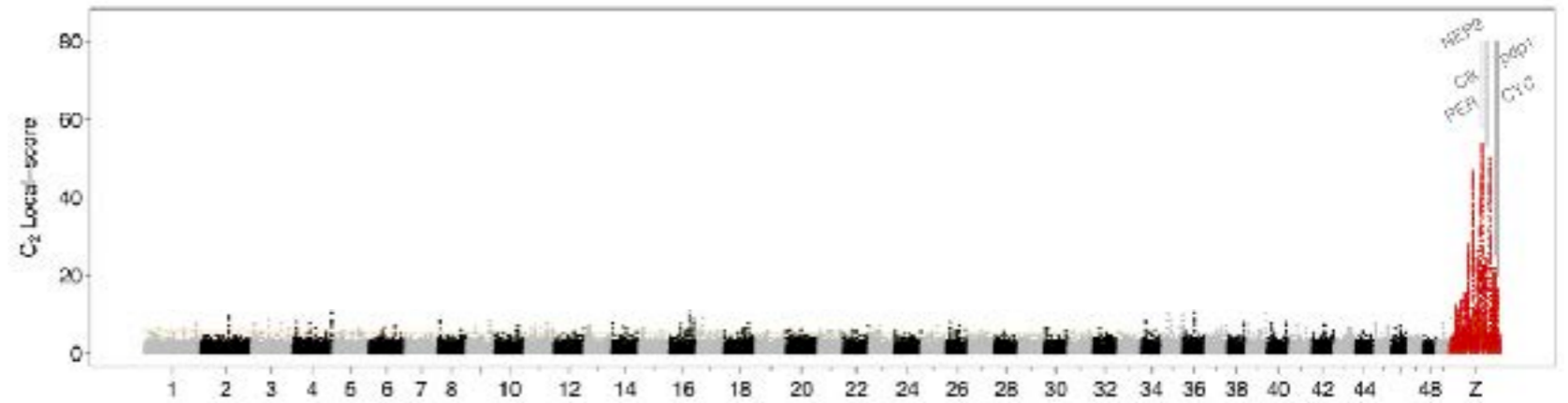
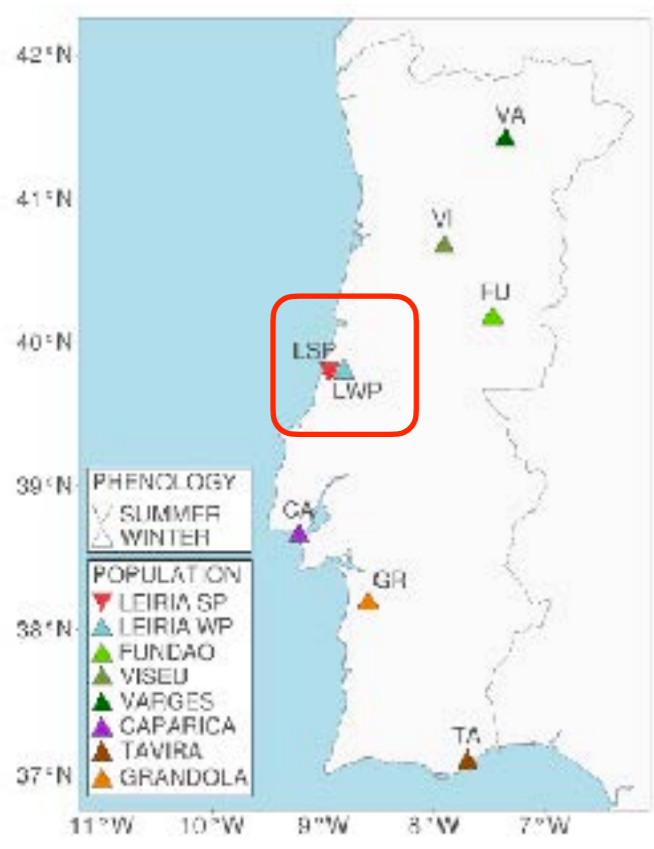
INDseq  
POOLseq

Genome ref scaffoldé  
8 à 15,000,000 SNPs

Bases génomiques  
associées à l'allochronie?

Gain +++

Sur le Z, variations  
associées à la phénologie



## MOLECULAR ECOLOGY

ORIGINAL ARTICLE Open Access

2025

### Population Genomics of Incipient Allochronic Divergence in the Pine Processionary Moth

Tanguy Muller , Mathieu Gaudier , Eric Lombaert , Raphaël Leblois , Laure Sauné , Manuela Branco , Carole Kerielhué , Charles Perrier

# La génomique pour l'étude d'une divergence allochronique

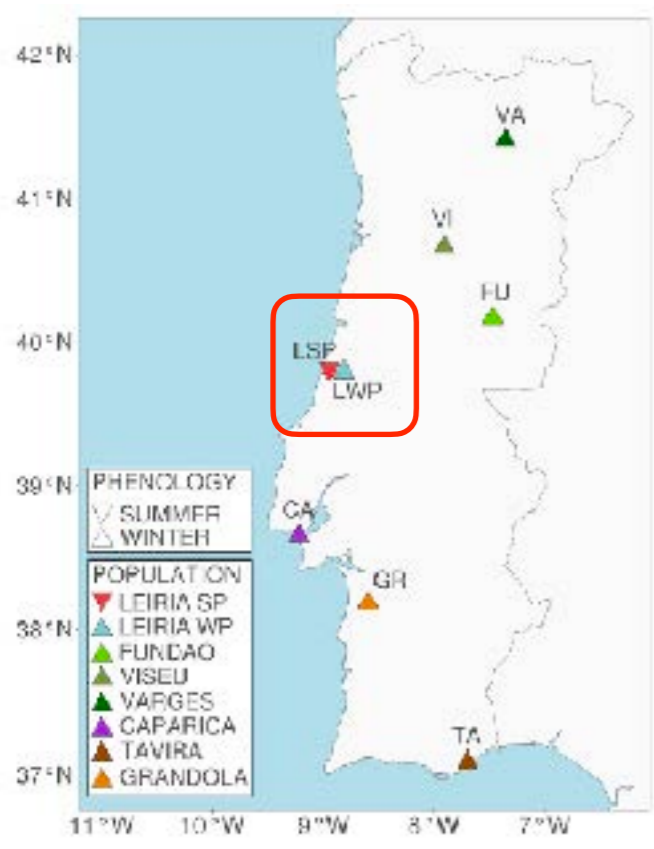


Tanguy



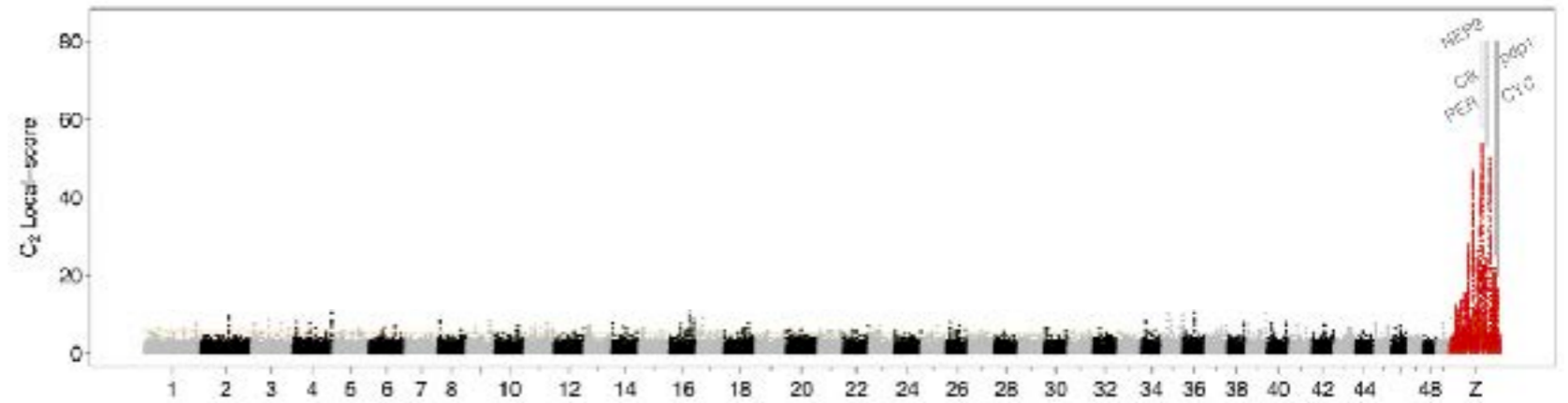
INDseq  
POOLseq

Genome ref scaffoldé  
8 à 15,000,000 SNPs



Bases génomiques associées à l'allochronie?

Gain +++



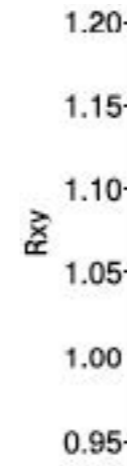
Sur le Z, variations associées à la phénologie



Fardeau génétique?

Gain +++

Indice de purge-accumulation des variants délétères



faible      modéré      fort  
Classe d'effet des mutations dérivées

## MOLECULAR ECOLOGY

ORIGINAL ARTICLE Open Access

2025

Population Genomics of Incipient Allochronic Divergence in the Pine Processionary Moth

Tanguy Muller Mathieu Gaucier Eric Lombaert Raphaël Leblois Laure Sauné Manuela Branco Carole Kerielhuc Charles Perrier

# La génomique pour l'étude d'une divergence allochronique

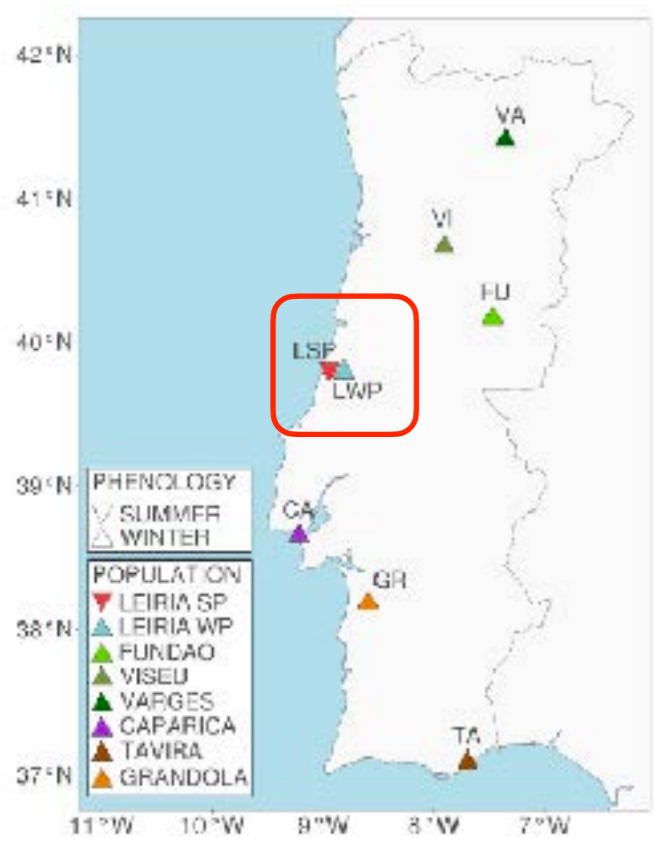


Tanguy



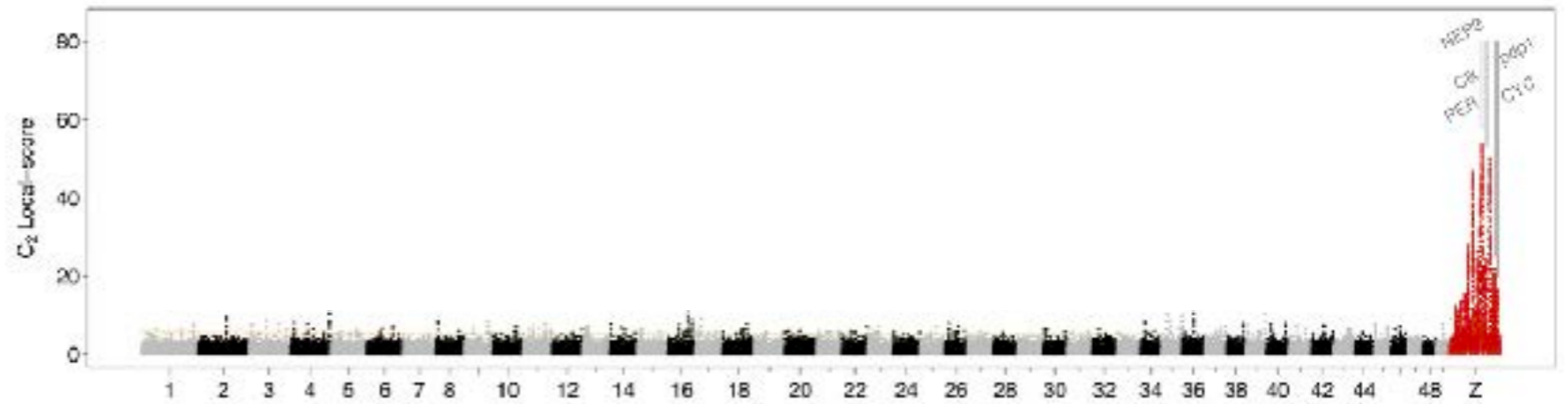
INDseq  
POOLseq

Genome ref scaffoldé  
8 à 15,000,000 SNPs



Bases génomiques associées à l'allochronie?

Gain +++



Sur le Z, variations associées à la phénologie

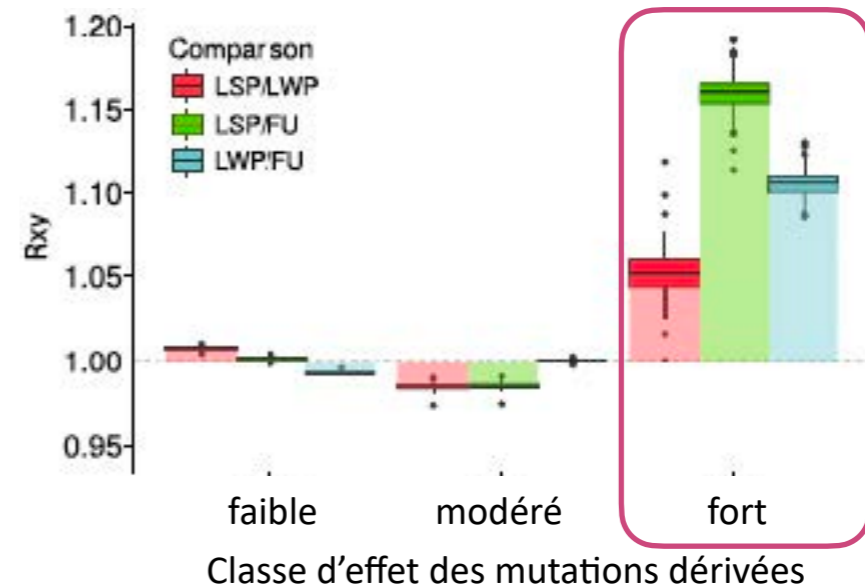


Fardeau génétique?

Gain +++

Indice de purge-accumulation des variants délétères

Accumulation de mutations d'effet fort



## MOLECULAR ECOLOGY

ORIGINAL ARTICLE Open Access

2025

Population Genomics of Incipient Allochronic Divergence in the Pine Processionary Moth

Tanguy Muller Mathieu Gaucier Éric Lombaert Raphaël Leblais Laure Sauné Manuela Branco Carole Kerielhué Charles Perrier

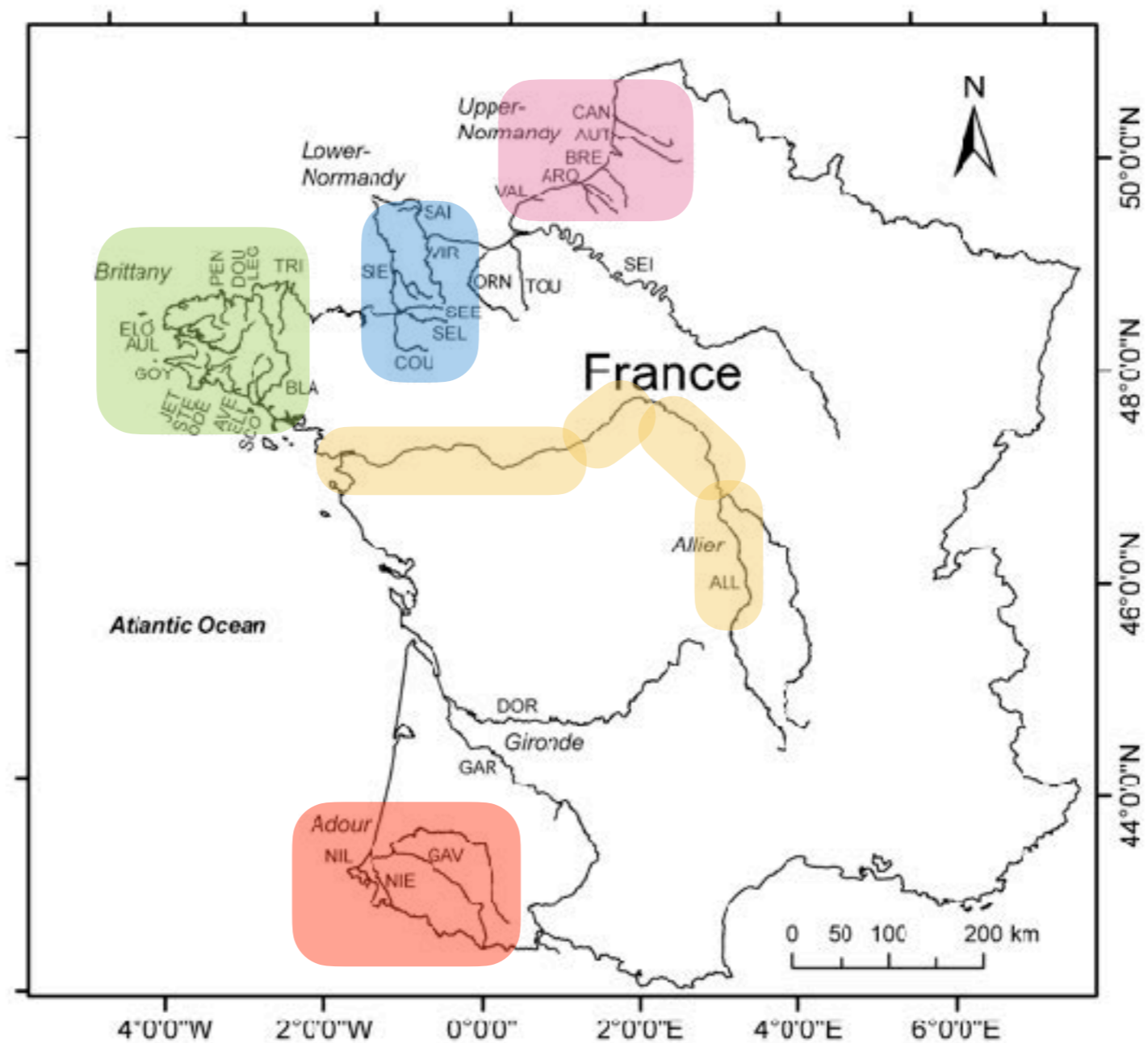
# La génomique pour l'étude de l'adaptation locale du saumon



*Salmo salar*

17 microsats  
975 ind  
34 rivières

*Perrier et al. 2011,2013*



Structure en metapopulations

-> Implications pour la gestion !

-> Adaptation locale au niveau de la rivière et au niveau de la région ?

# La génomique pour l'étude de l'adaptation locale du saumon

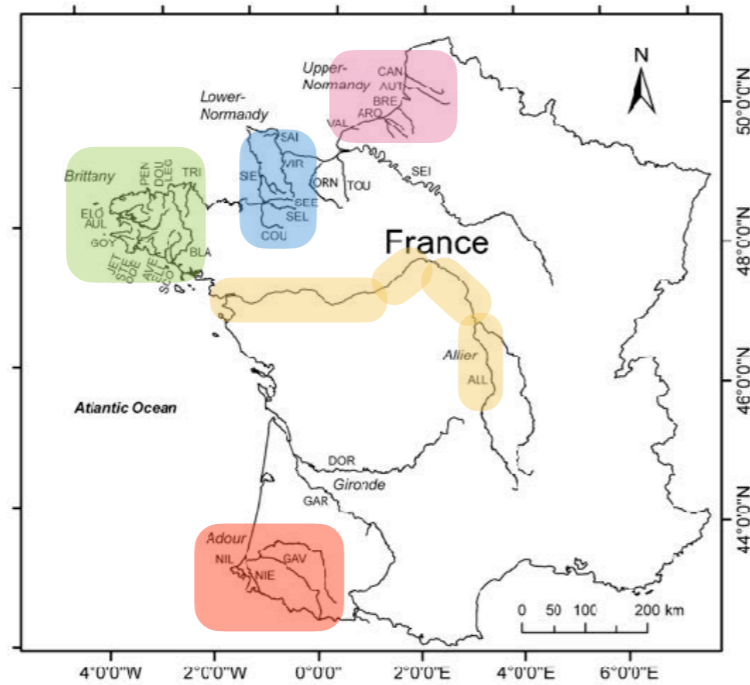


Emilio



*Salmo salar*

Puce 60,000 SNPs



# La génomique pour l'étude de l'adaptation locale du saumon

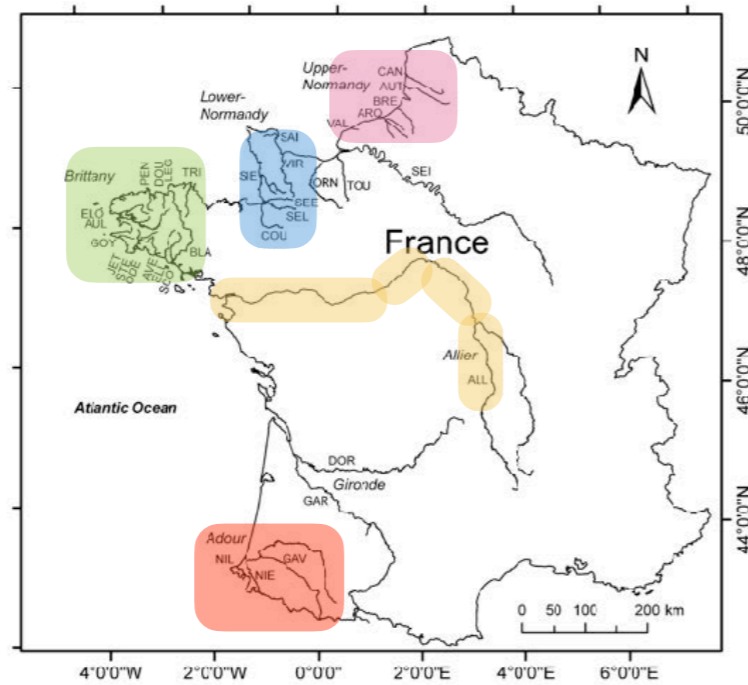


Emilio



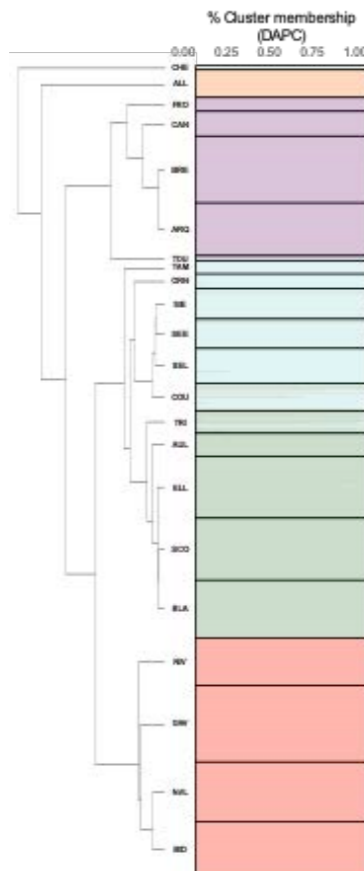
*Salmo salar*

Puce 60,000 SNPs



Structure

Gain génomique  
+



Egal et al. in prep

# La génomique pour l'étude de l'adaptation locale du saumon

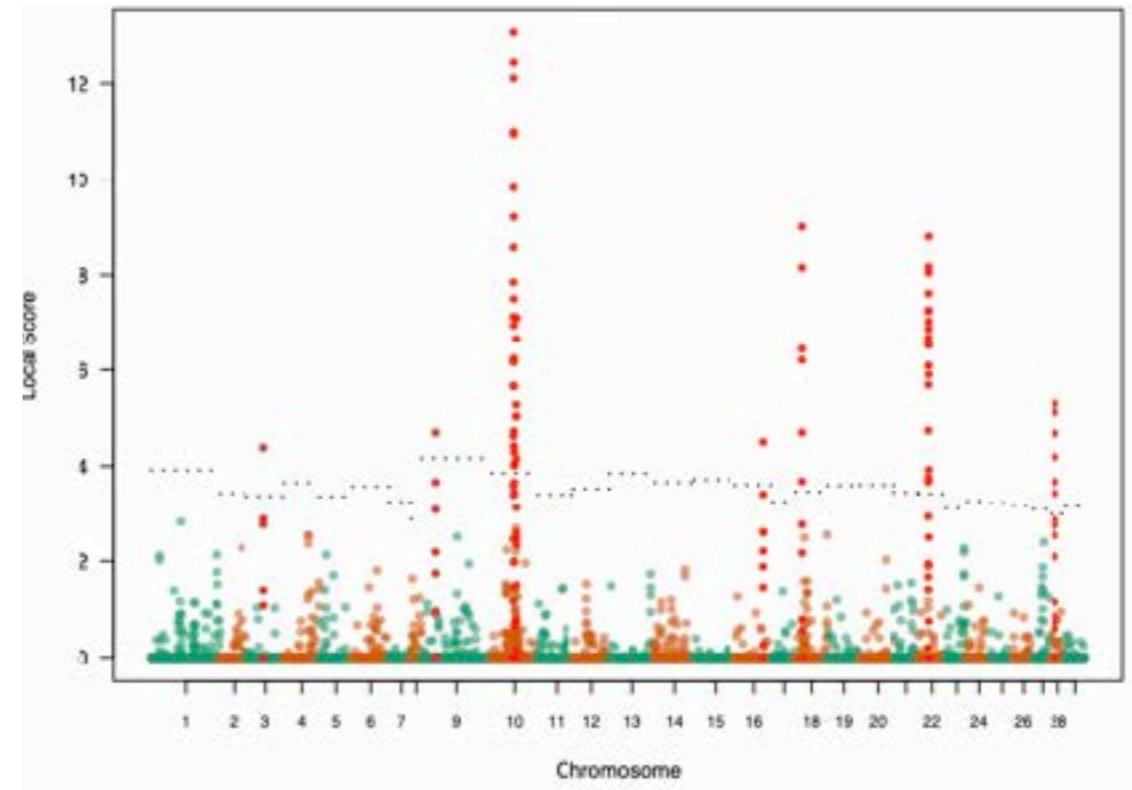
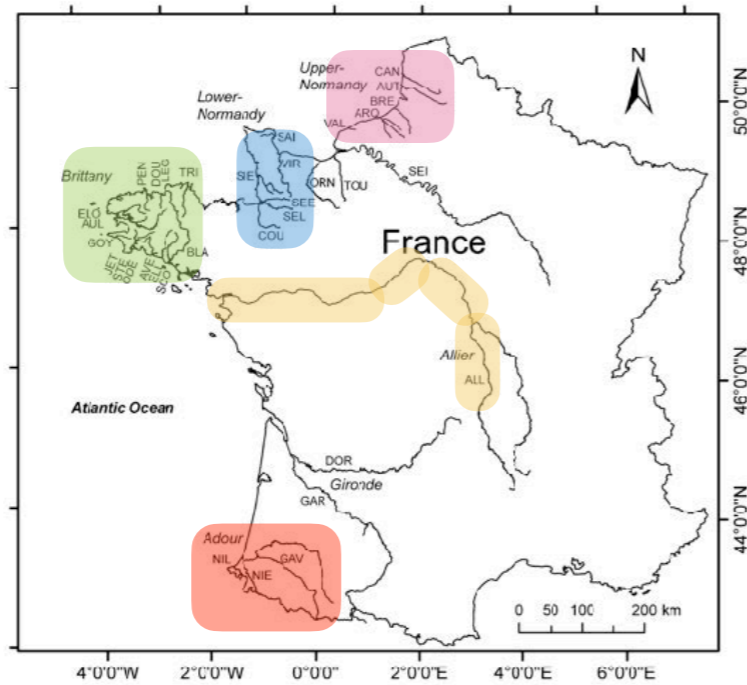


Emilio



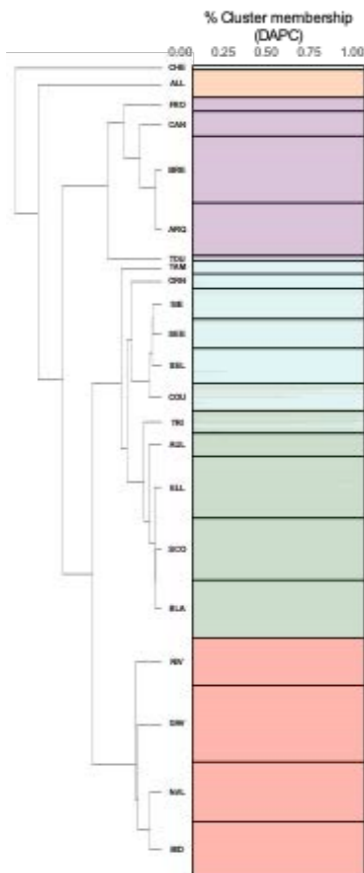
Salmo salar

Puce 60,000 SNPs



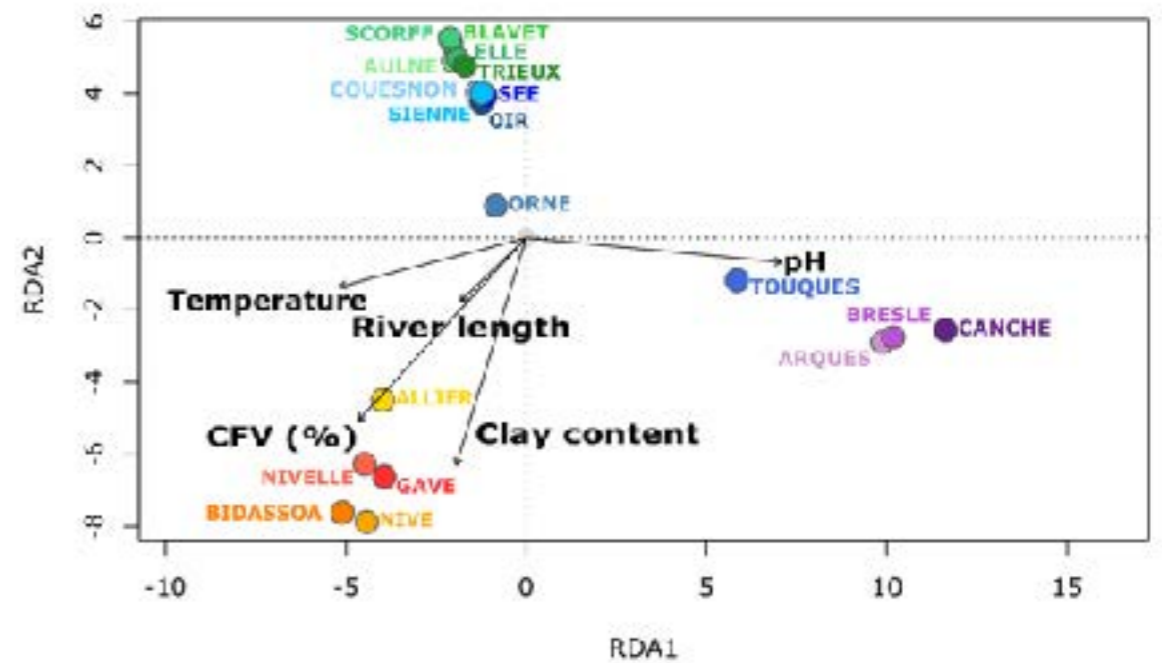
Structure

Gain génomique +



Empreintes de sélections : GS et GEA

Gain génomique +++



Egal et al. in prep

# La génomique pour l'étude de l'adaptation locale du saumon

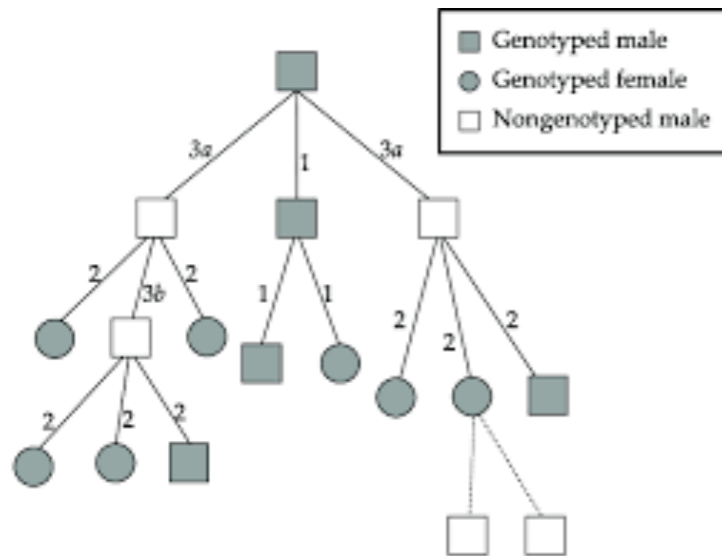
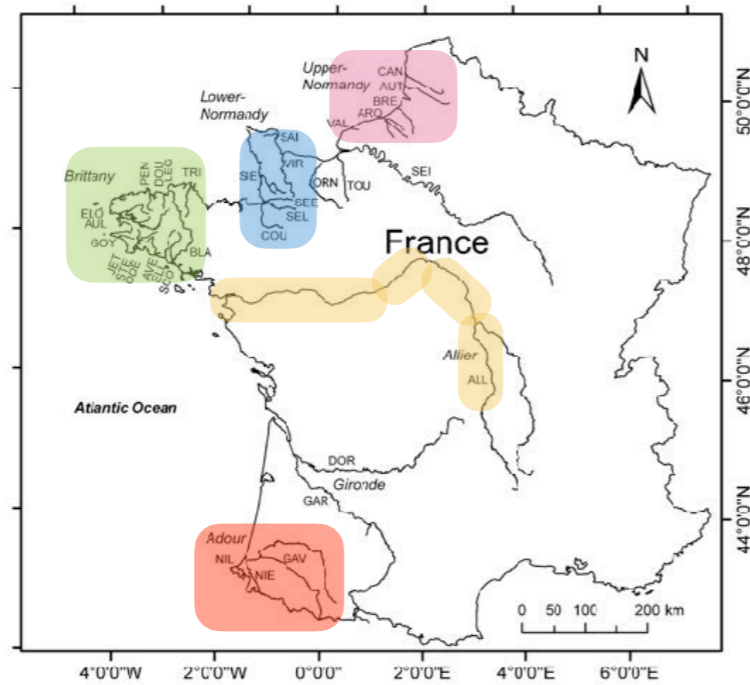


Emilio



*Salmo salar*

4456 individus  
164 SNPs  
14 Microsat



# La génomique pour l'étude de l'adaptation locale du saumon

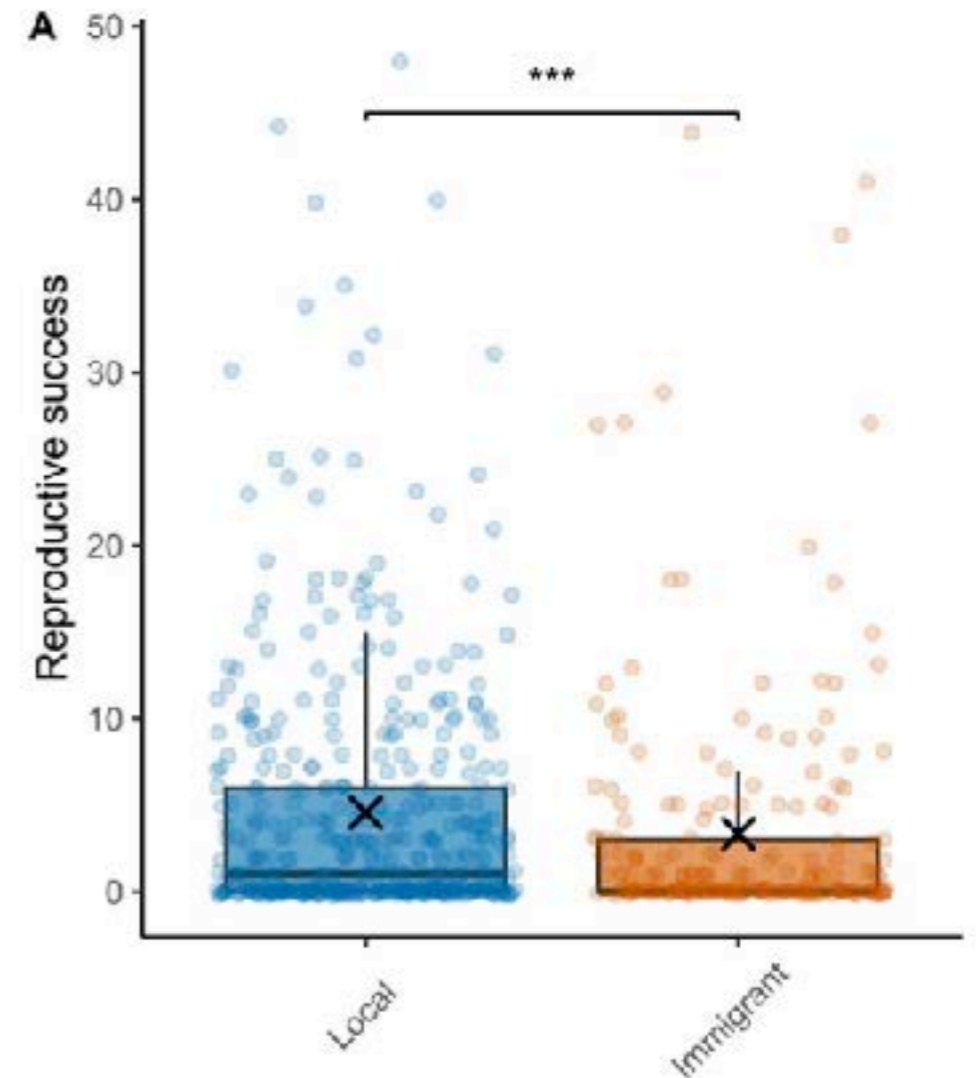
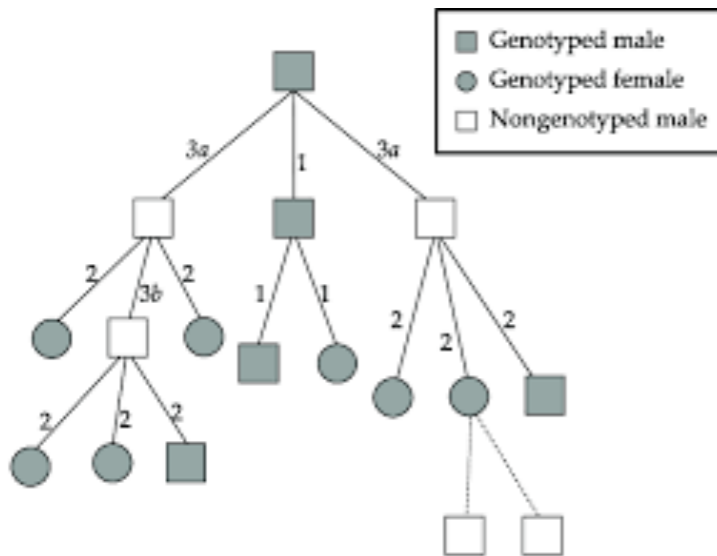
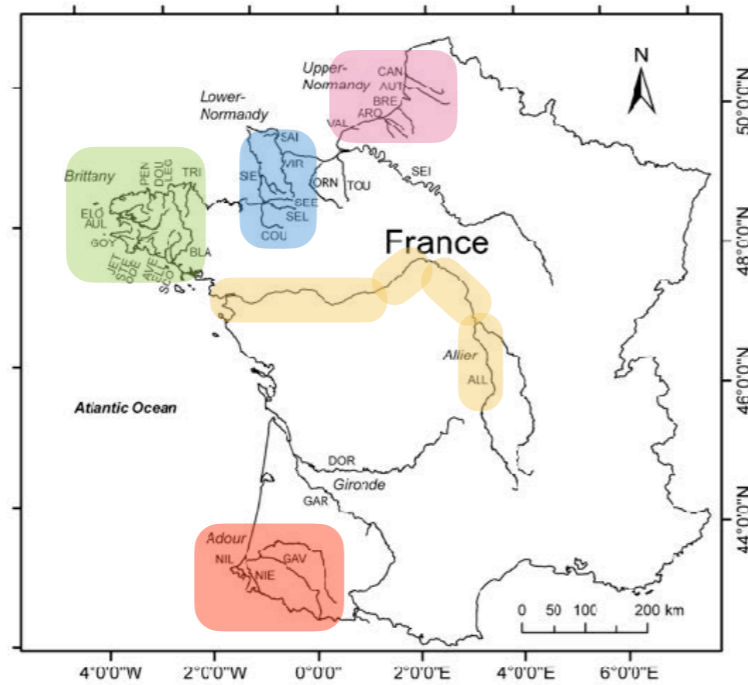


Emilio



*Salmo salar*

4456 individus  
164 SNPs  
14 Microsat



**Selection against dispersers: Sex, age and origin-dependent fitness differences in wild Atlantic salmon**

Emilio Egal, Charles Perrier, Yann Czorlich, Geir H. Bolstad, Craig R. Primmer, Aurélie Manicki, Josu Elso, Guillaume Evanno, Mathieu Buoro

doi: <https://doi.org/10.64898/2025.12.30.696970>

# La génomique pour l'étude de l'adaptation locale du saumon

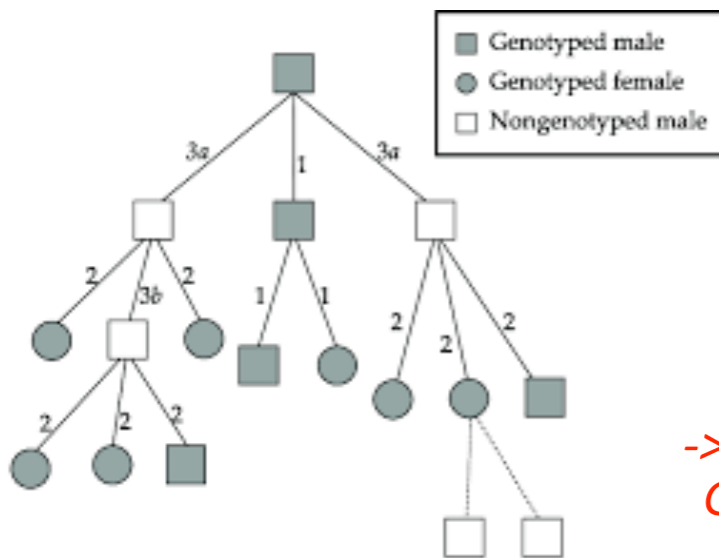
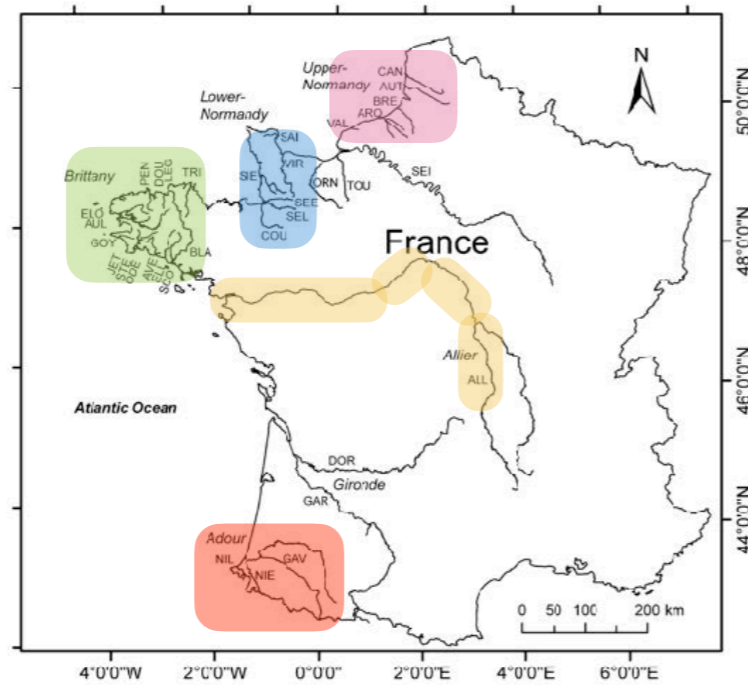


Emilio



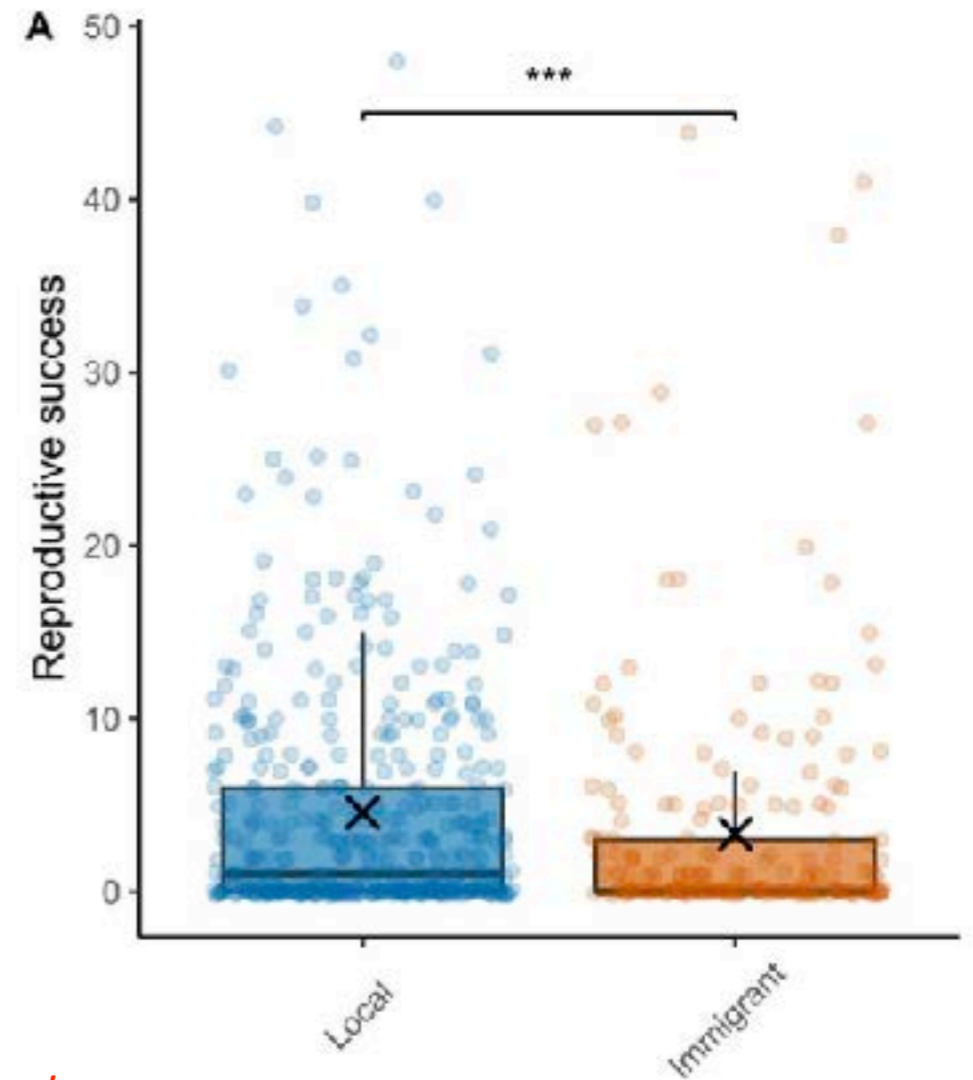
*Salmo salar*

4456 individus  
164 SNPs  
14 Microsat



Variations de valeurs sélectives  
suggérant une adaptation locale

-> Beaucoup d'individus génotypés à peu de marqueurs...  
Gain à ne pas faire de génomique pour cette question...



**Selection against dispersers: Sex, age and origin-dependent fitness differences in wild Atlantic salmon**

Emilio Egal, Charles Perrier, Yann Czorlich, Geir H. Bolstad, Craig R. Primmer, Aurélie Manicki, Josu Elso, Guillaume Evanno, Mathieu Buoro

doi: <https://doi.org/10.64898/2025.12.30.696970>

## CV - parcours

Quelques éléments de contexte  
appuyés de deux exemples de travaux encadrés

**Projet de recherche empirique  
en génomique des populations  
sur le fardeau génétique  
dans des contextes d'invasion et expansion**

# Le contexte des expansions et invasions

# Le contexte des expansions et invasions

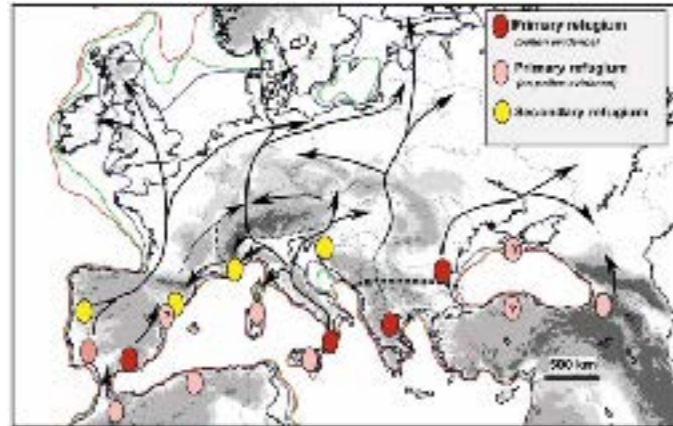
Expansions biologiques

# Le contexte des expansions et invasions

## Expansions biologiques

Recolonisation postglaciaire

Chêne blanc



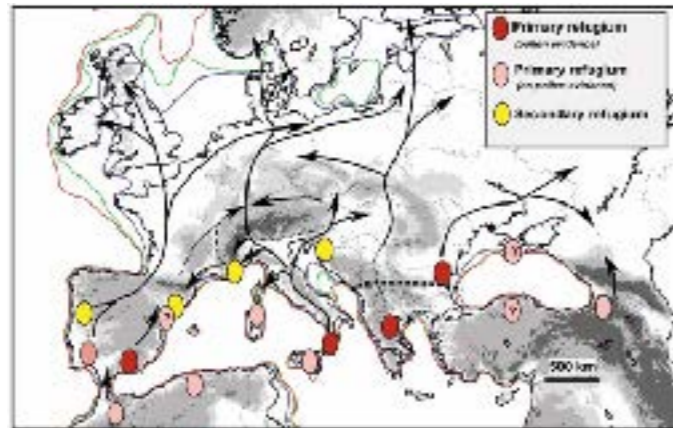
Petit et al 2002

# Le contexte des expansions et invasions

## Expansions biologiques

### Recolonisation postglaciaire

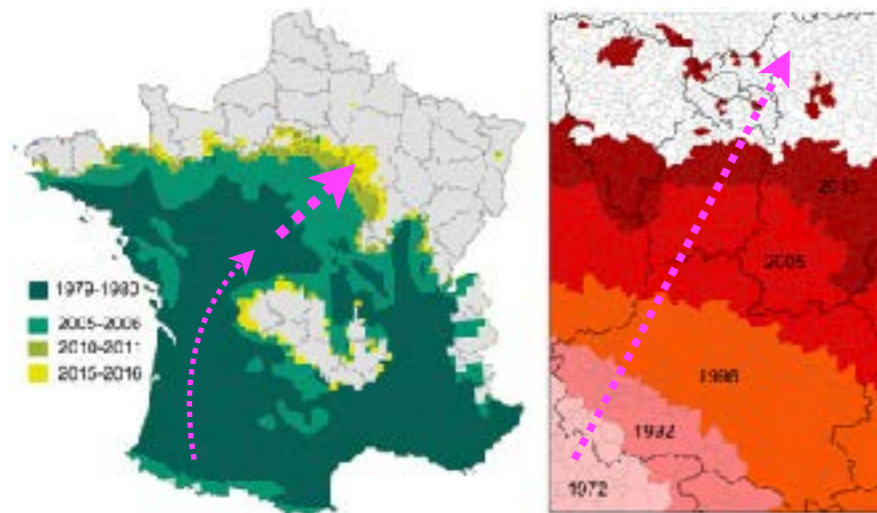
#### Chêne blanc



Petit et al 2002

### Expansions contemporaines

#### Chenille processionnaire du pin

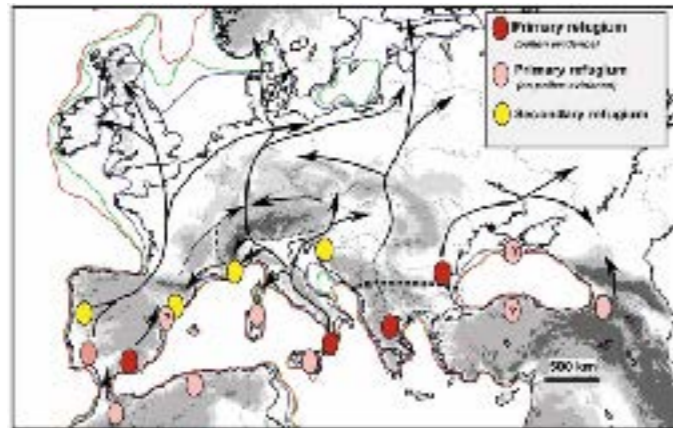


Roques et al 2015

# Le contexte des expansions et invasions

## Expansions biologiques

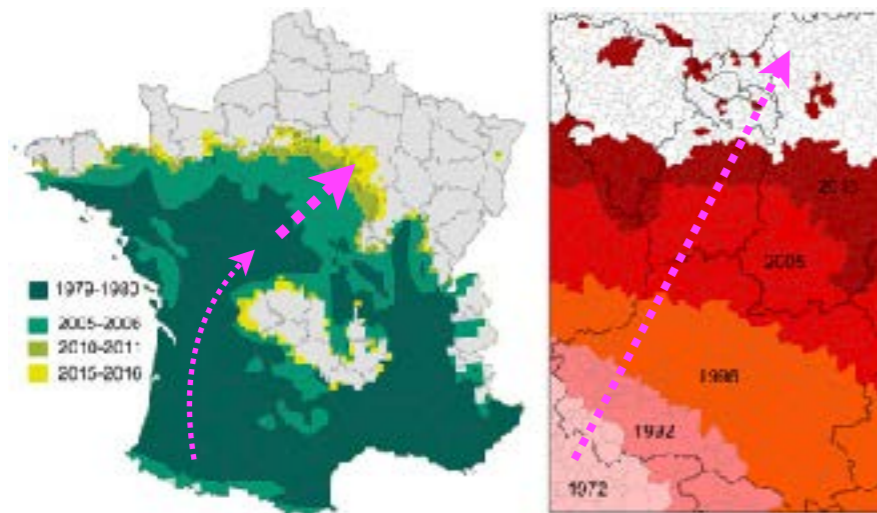
### Recolonisation postglaciaire Chêne blanc



Petit et al 2002

## Invasions biologiques

### Expansions contemporaines Chenille processionnaire du pin

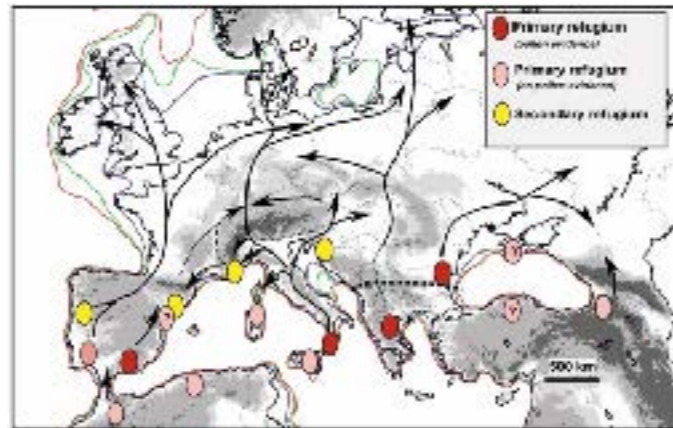


Roques et al 2015

# Le contexte des expansions et invasions

## Expansions biologiques

Recolonisation postglaciaire  
Chêne blanc



Petit et al 2002

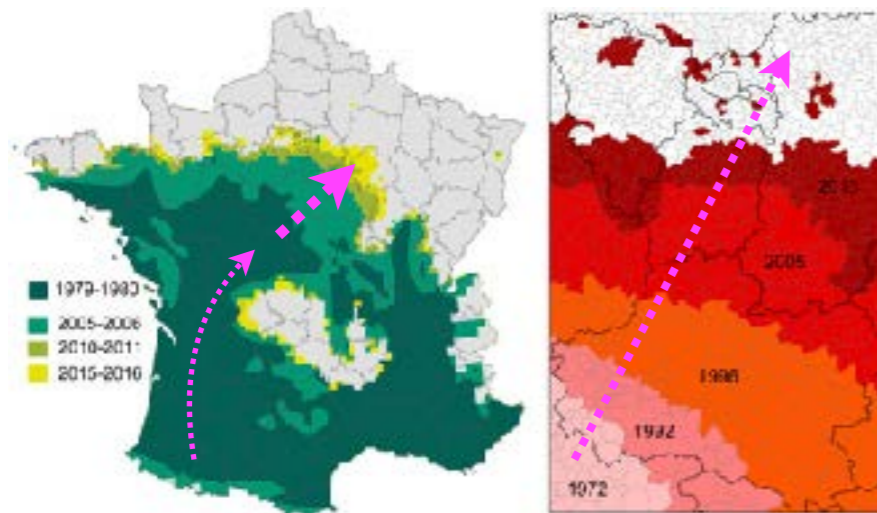
## Invasions biologiques

Invasions, introductions multiples  
coccinelle asiatique



Fraimout et al 2017

Expansions contemporaines  
Chenille processionnaire du pin

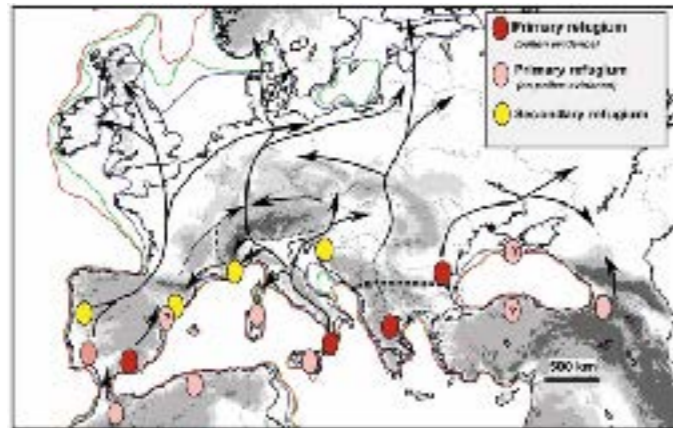


Roques et al 2015

# Le contexte des expansions et invasions

## Expansions biologiques

Recolonisation postglaciaire  
Chêne blanc



Petit et al 2002

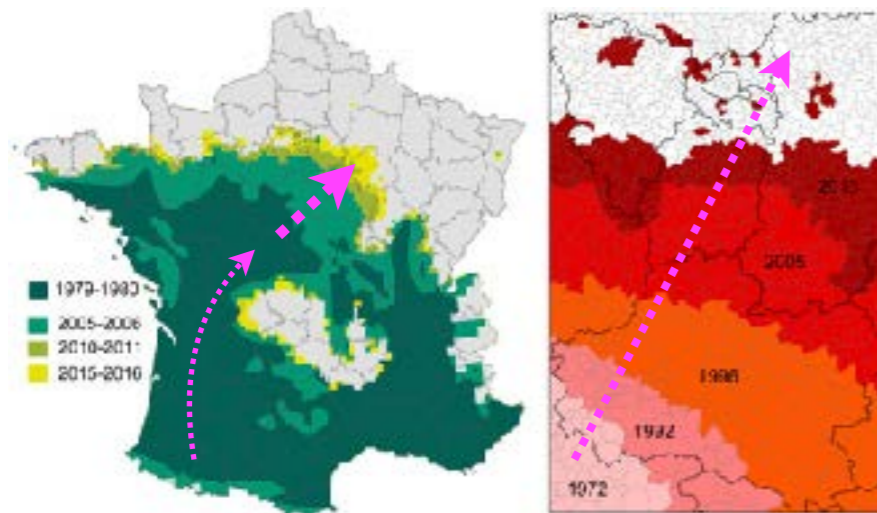
## Invasions biologiques

Invasions, introductions multiples  
coccinelle asiatique



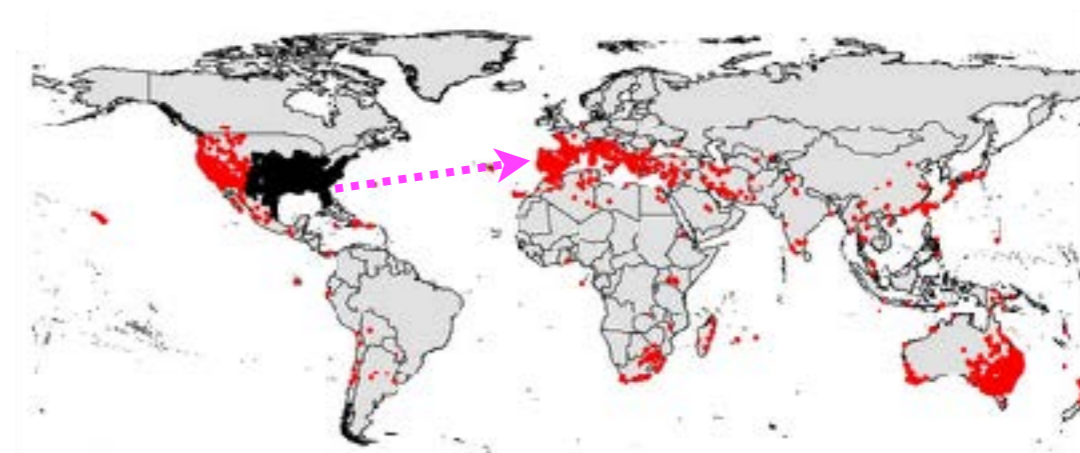
Fraimout et al 2017

Expansions contemporaines  
Chenille processionnaire du pin



Roques et al 2015

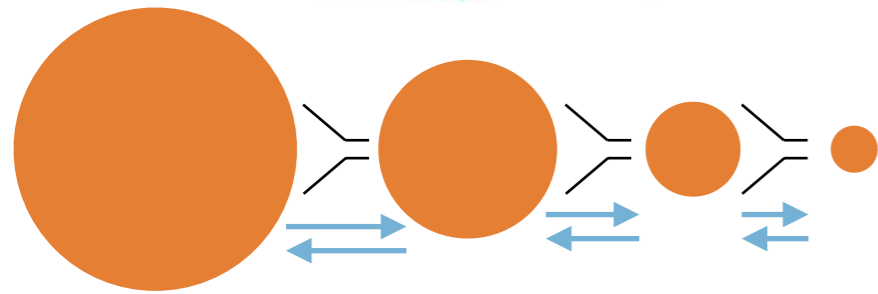
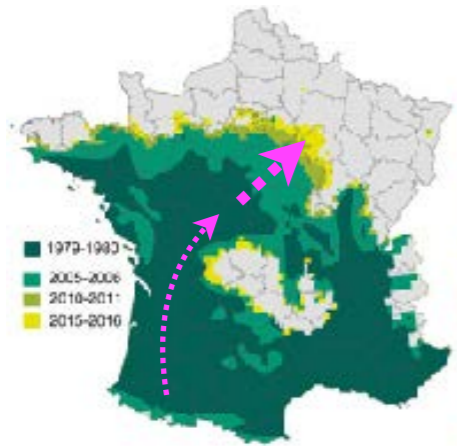
Invasions, introduction unique  
Gambusie de l'Est



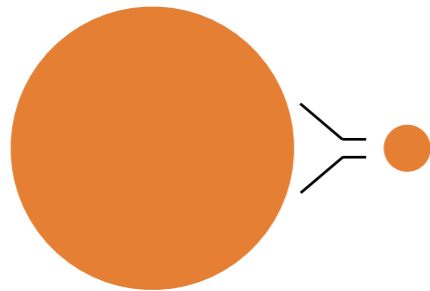
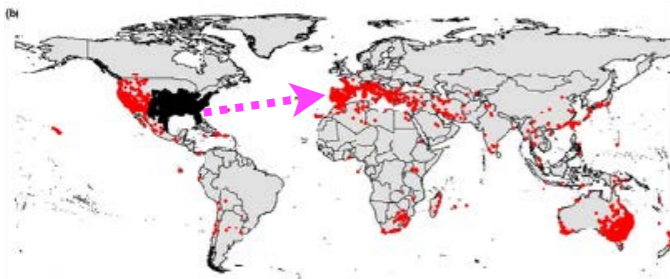
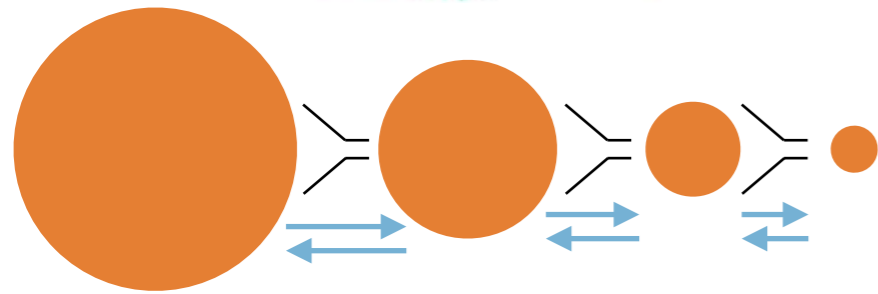
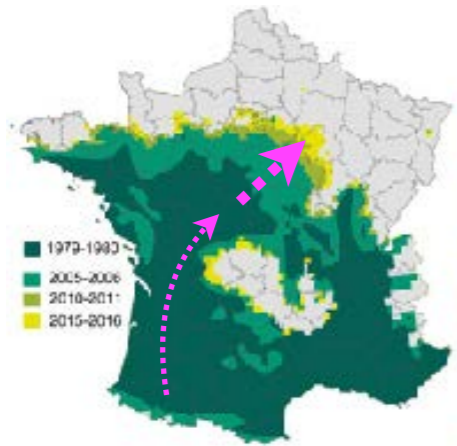
Vidal et al 2010

**Les expansions et invasions sont caractérisés par des démographies et sélections particulières**

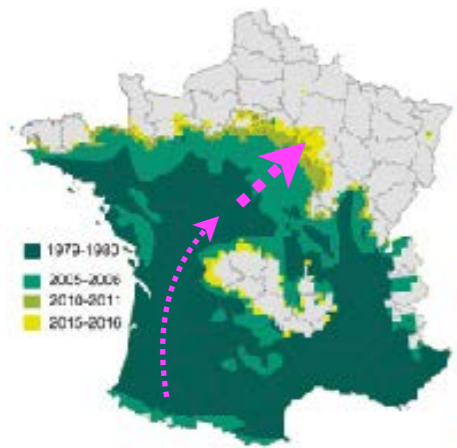
# Les expansions et invasions sont caractérisés par des démographies et sélections particulières



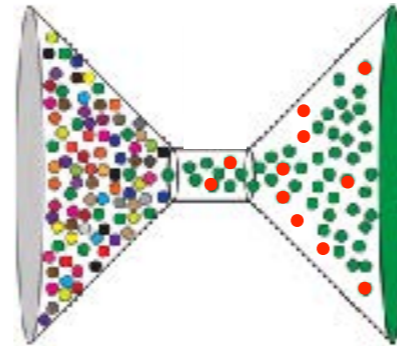
# Les expansions et invasions sont caractérisés par des démographies et sélections particulières



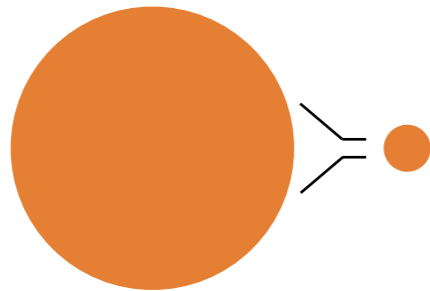
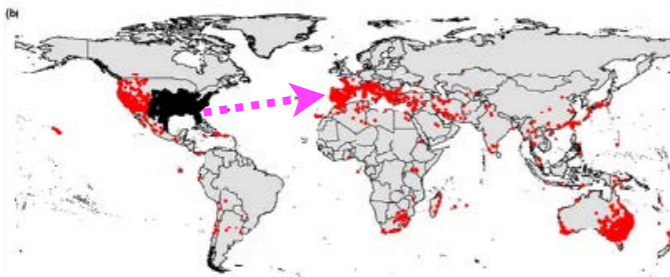
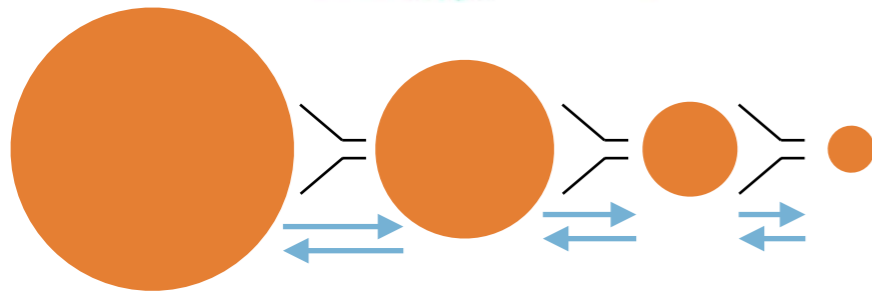
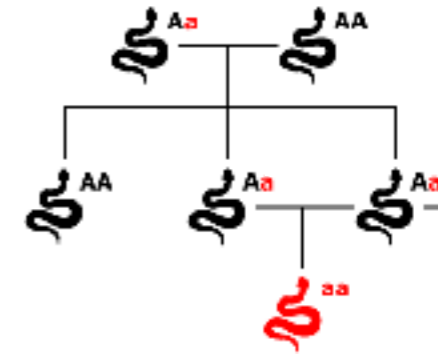
# Les expansions et invasions sont caractérisés par des démographies et sélections particulières



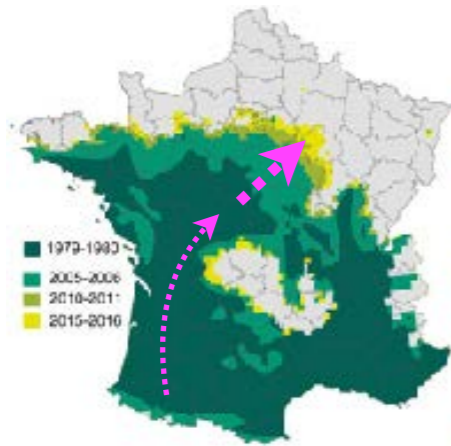
Goulot d'étranglement  
Diminution de  $N_e$



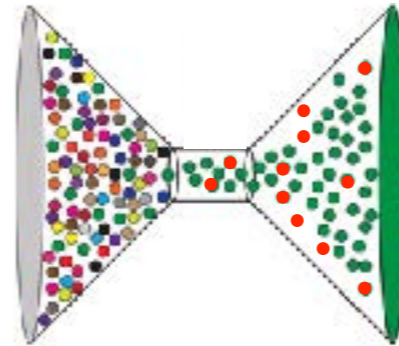
Consanguinité



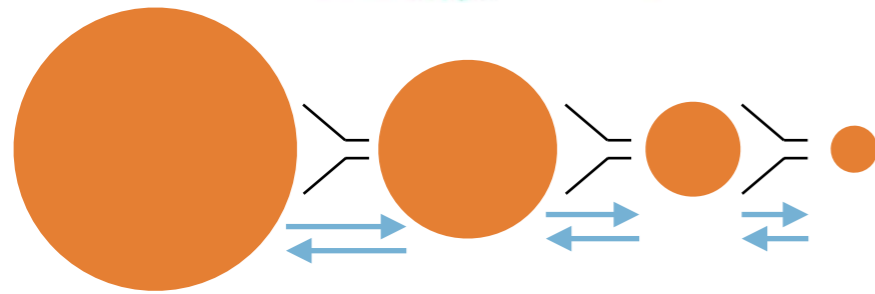
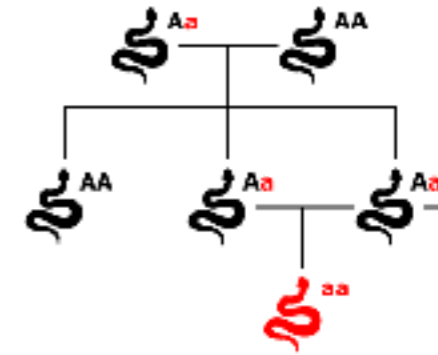
# Les expansions et invasions sont caractérisés par des démographies et sélections particulières



Goulot d'étranglement  
Diminution de  $N_e$

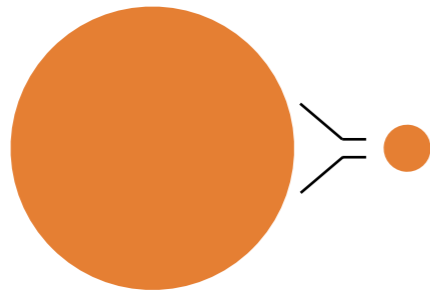
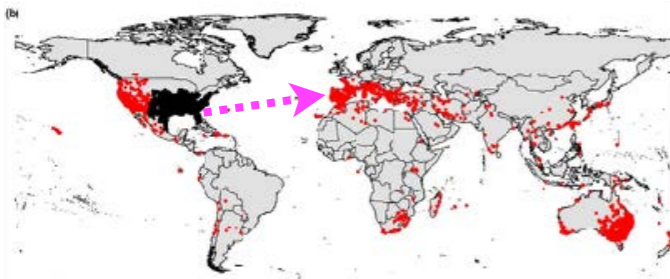


Consanguinité

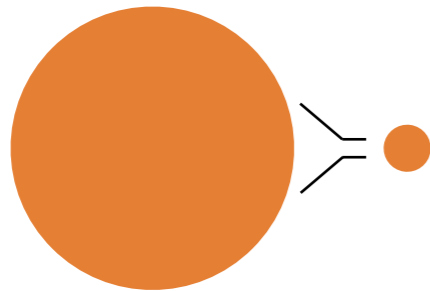
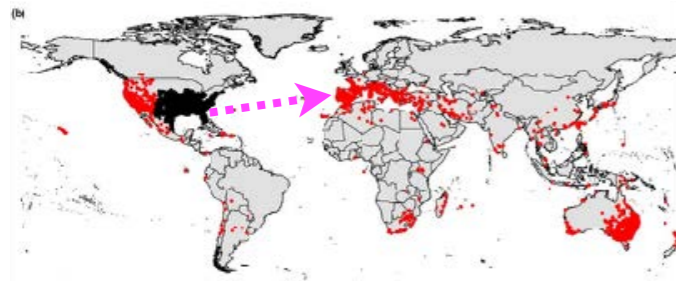
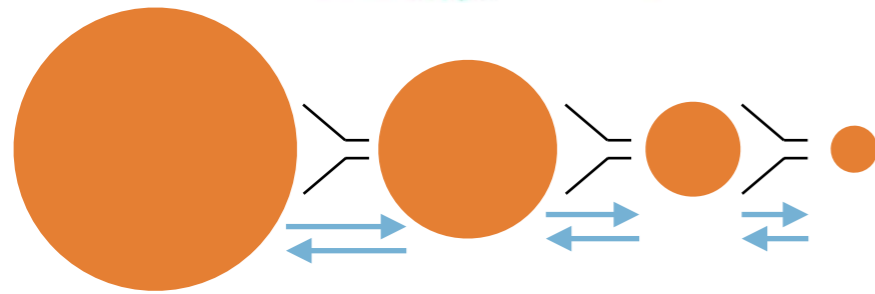
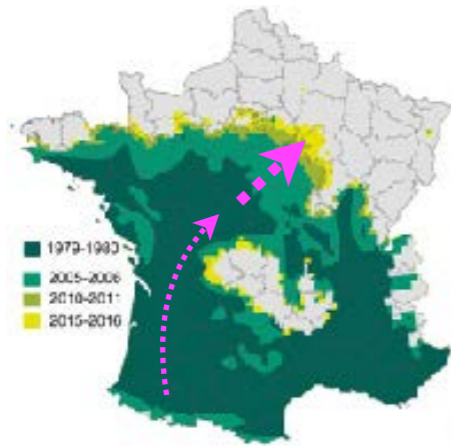


Augmentation de la dérive,  $1/N_e$

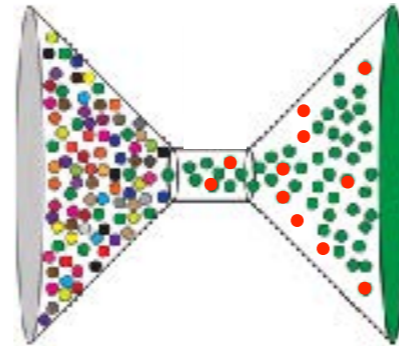
Diminution de l'efficacité de la sélection,  $N_e \cdot s$



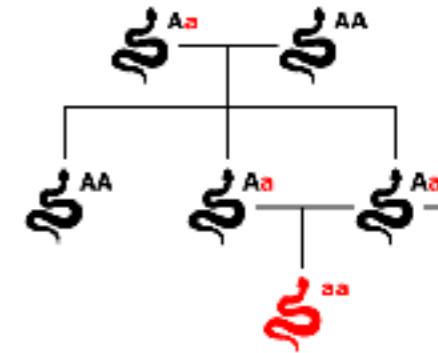
# Les expansions et invasions sont caractérisés par des démographies et sélections particulières



Goulot d'étranglement  
Diminution de  $N_e$

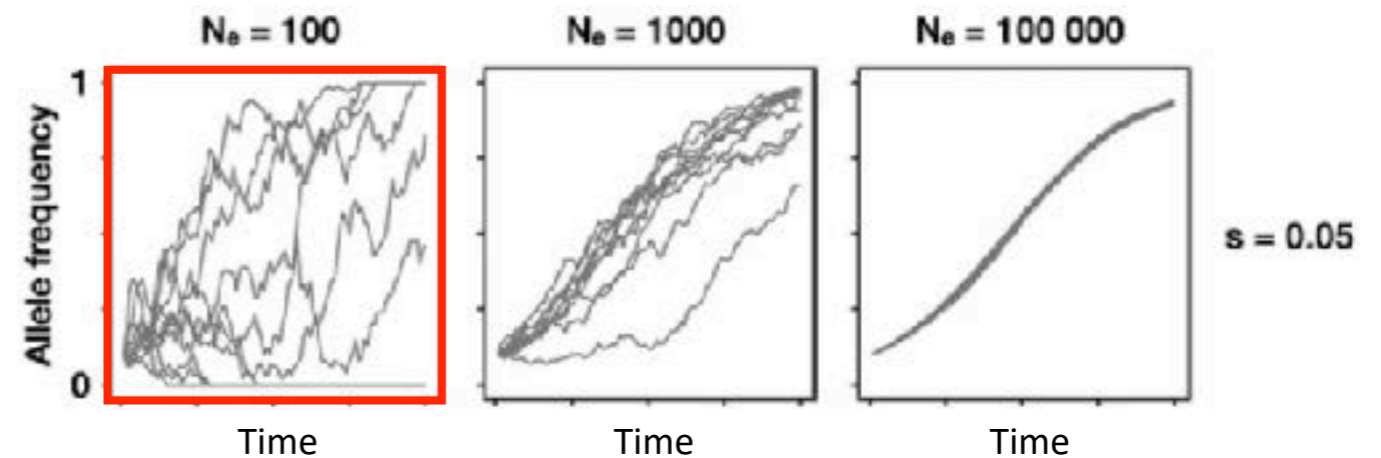


Consanguinité

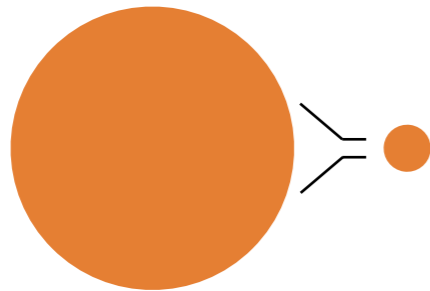
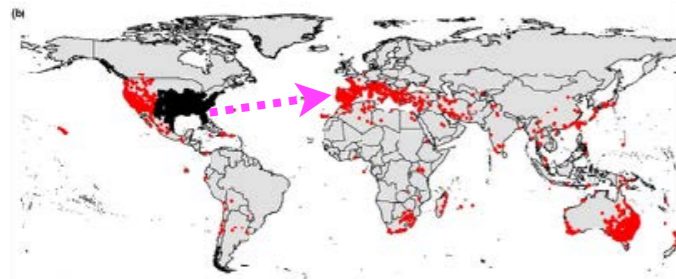
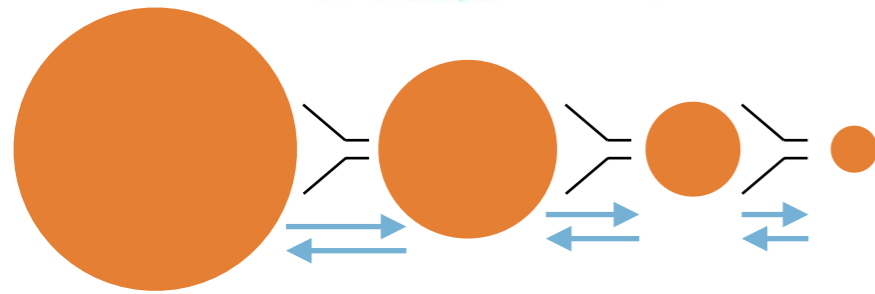
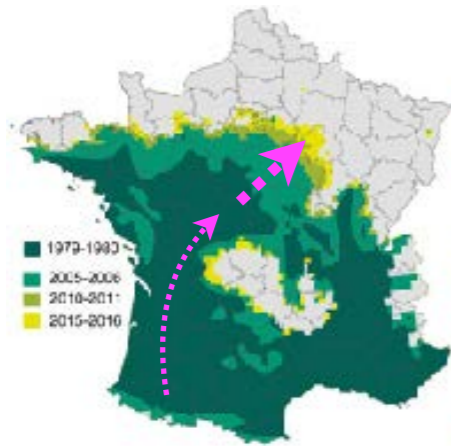


Augmentation de la dérive,  $1/N_e$

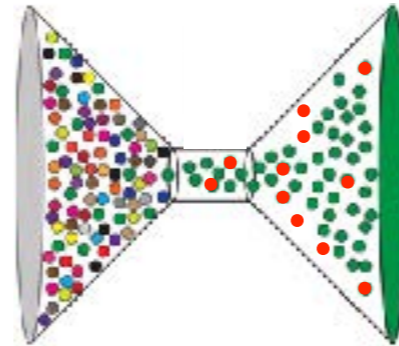
Diminution de l'efficacité de la sélection,  $N_e \cdot s$



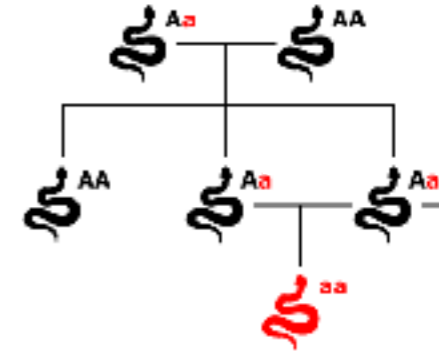
# Les expansions et invasions sont caractérisés par des démographies et sélections particulières



Goulot d'étranglement  
Diminution de  $N_e$

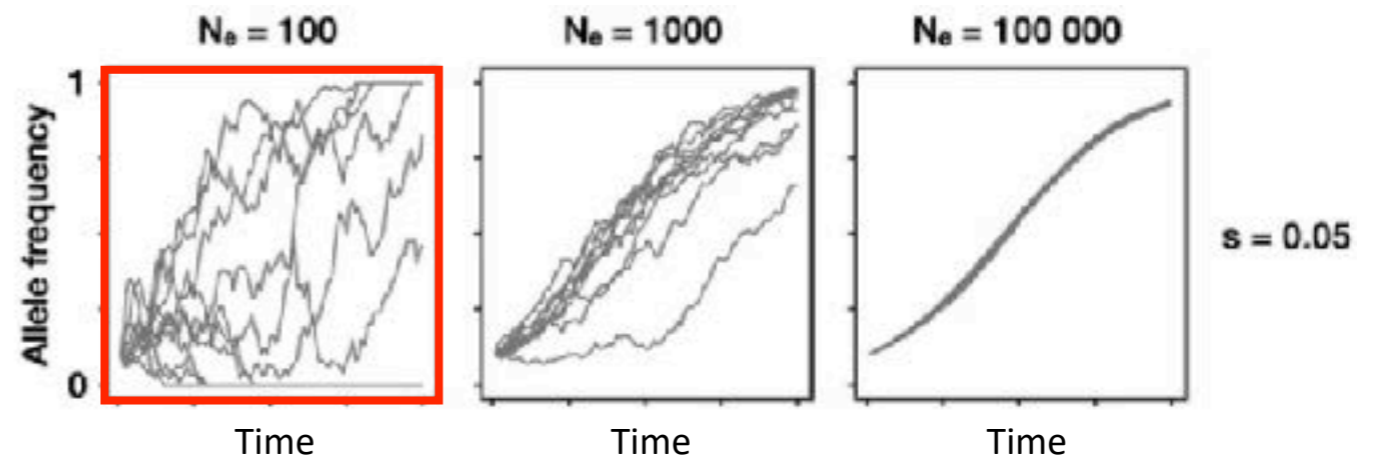


Consanguinité



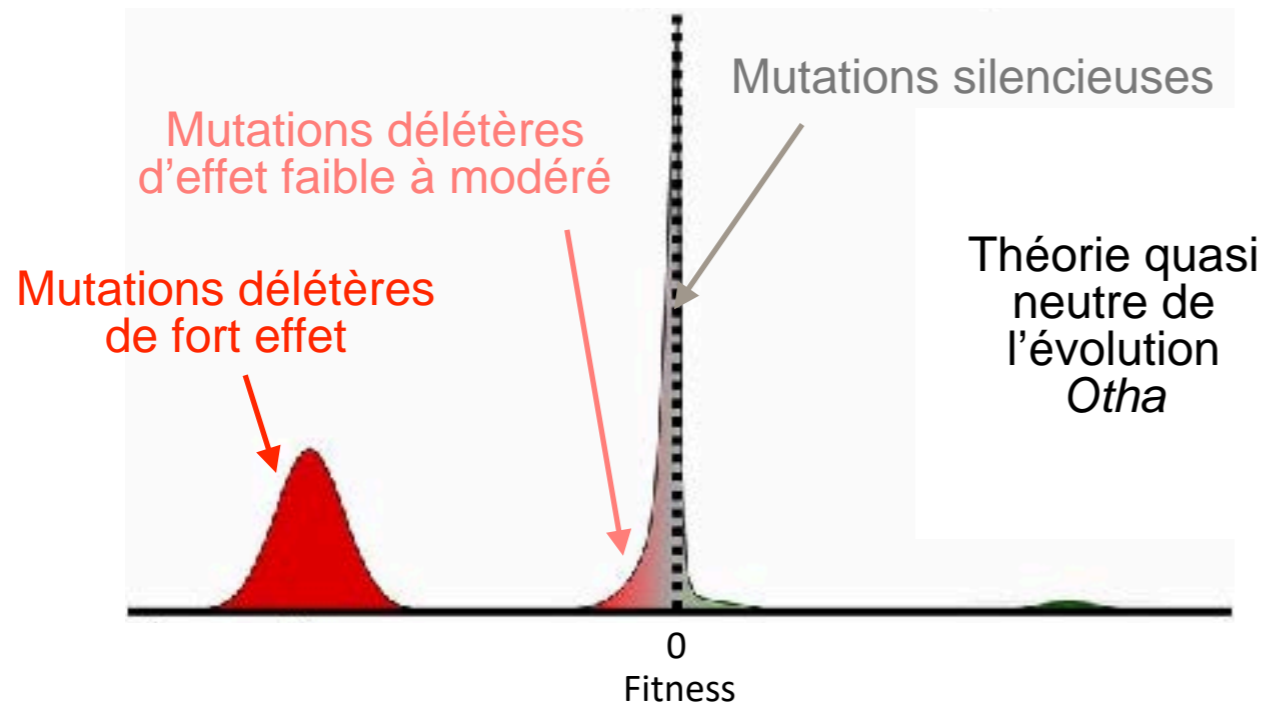
Augmentation de la dérive,  $1/N_e$

Diminution de l'efficacité de la sélection,  $N_e \cdot s$

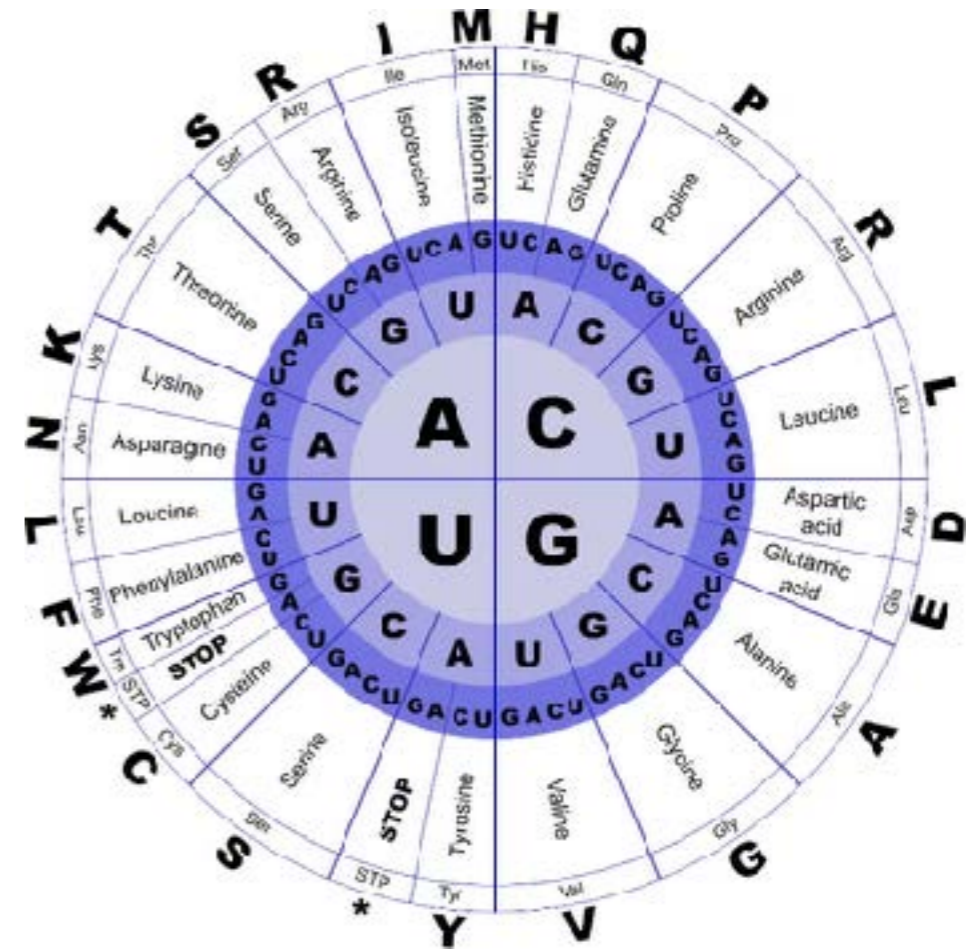
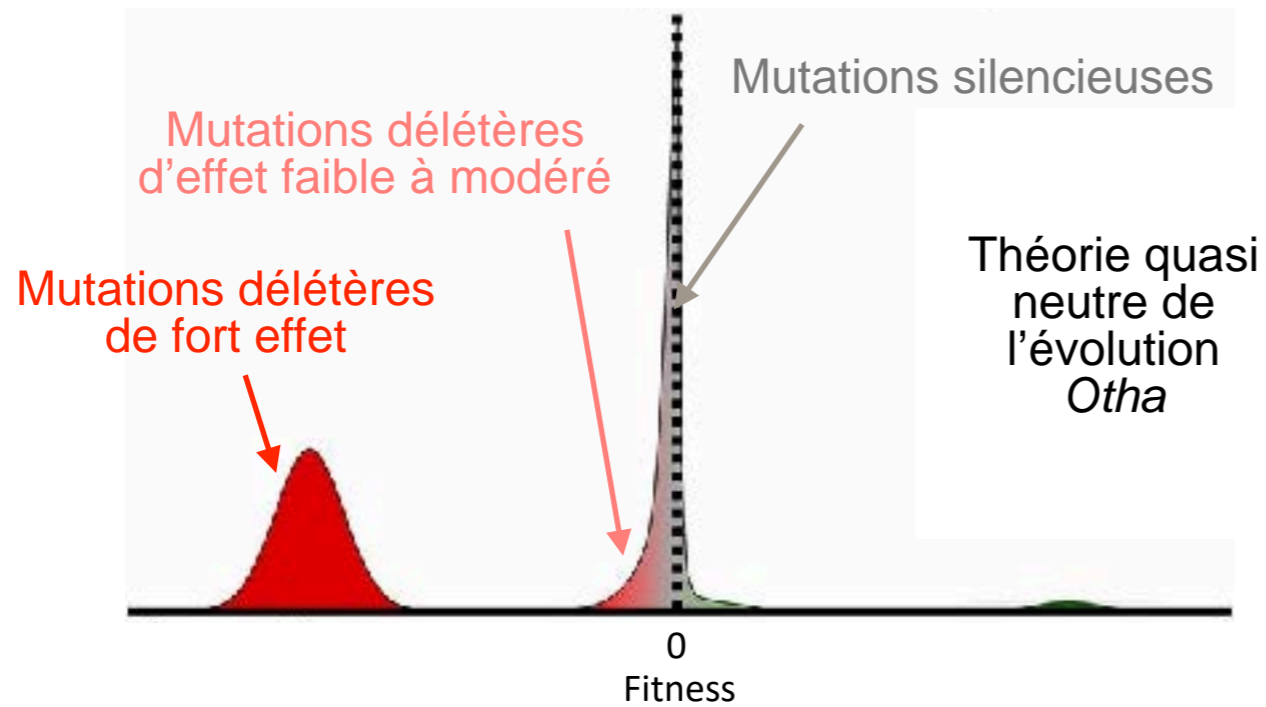


Impact sur le fardeau de mutations délétères :  
Accumulation? Purge?

# Mutations délétères

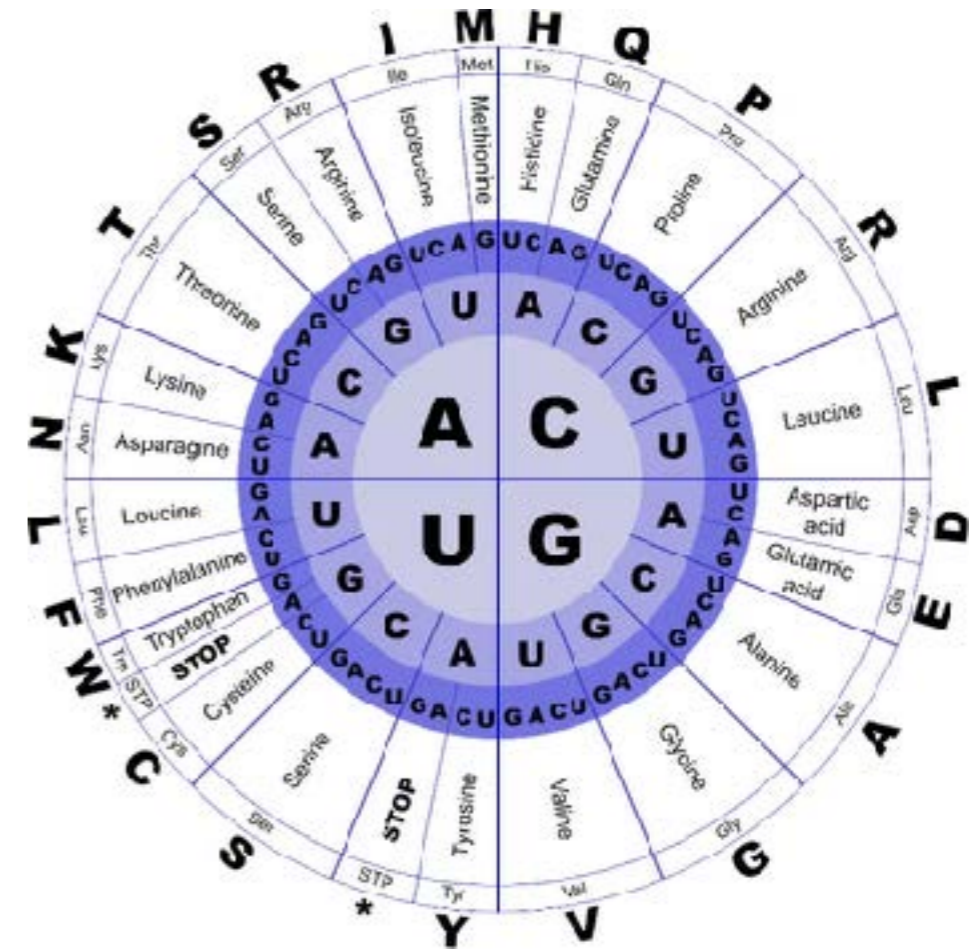
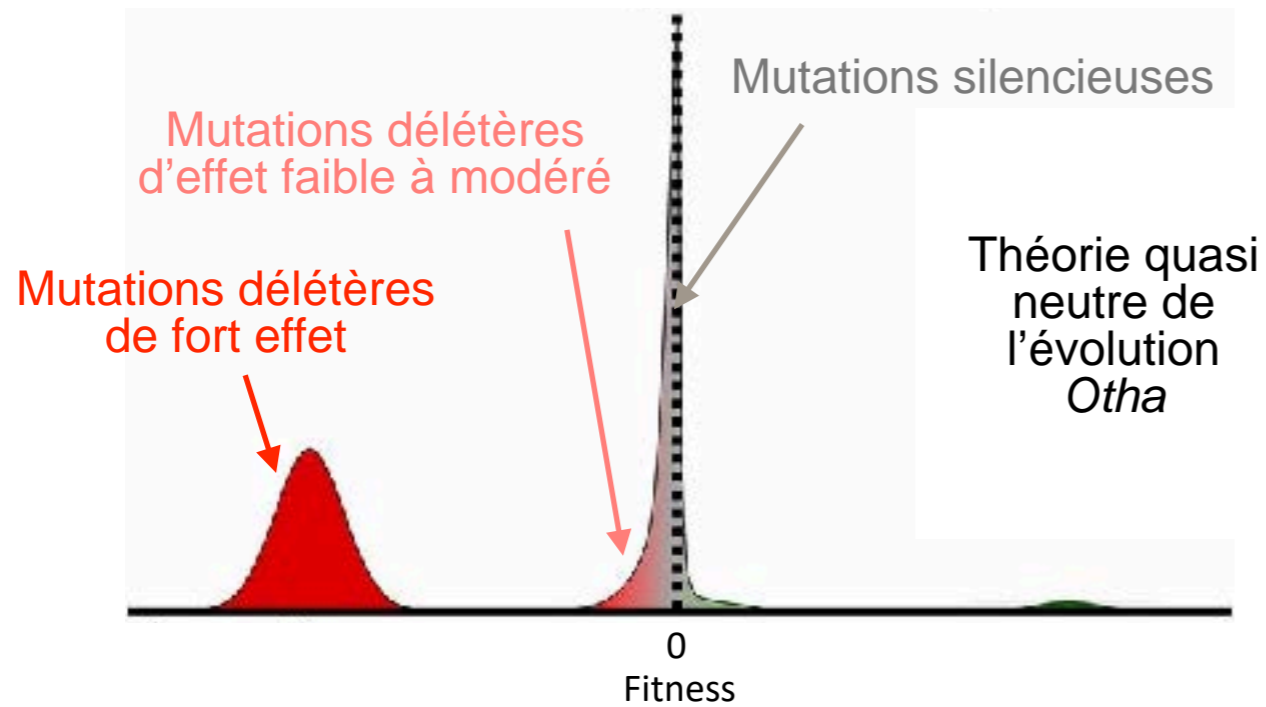


# Mutations délétères



Relative redondance du code génétique + sélection constante :  
 une nouvelle mutation est soit silencieuse  
 soit non-synonyme et a alors une probabilité beaucoup plus  
 élevée de diminuer la valeur selective que de l'augmenter

# Mutations délétères



Taux de mutation chez les diploïdes :  $\sim 10^{-8}$

-> apparition de mutations délétères en quantité significative

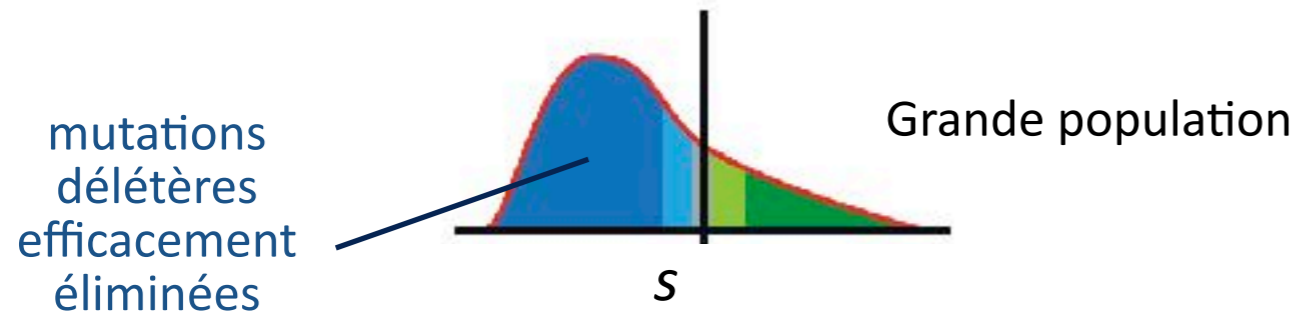
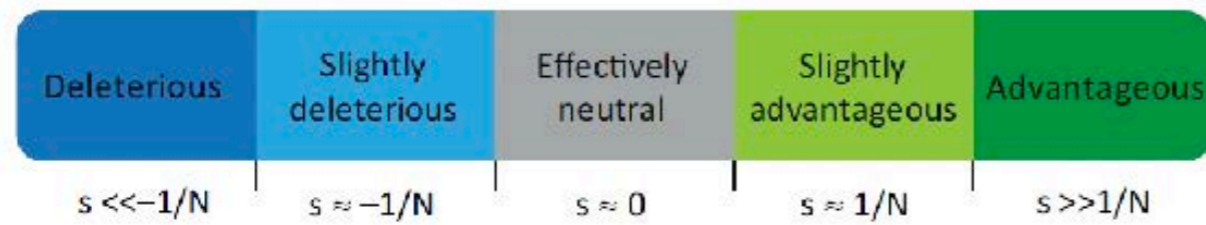
-> 1 à 3 nouvelles mutations délétères par génome et génération chez l'humain

Relative redondance du code génétique + sélection constante :  
 une nouvelle mutation est soit silencieuse  
 soit non-synonyme et a alors une probabilité beaucoup plus élevée de diminuer la valeur selective que de l'augmenter

# Le devenir des mutations délétères codominantes

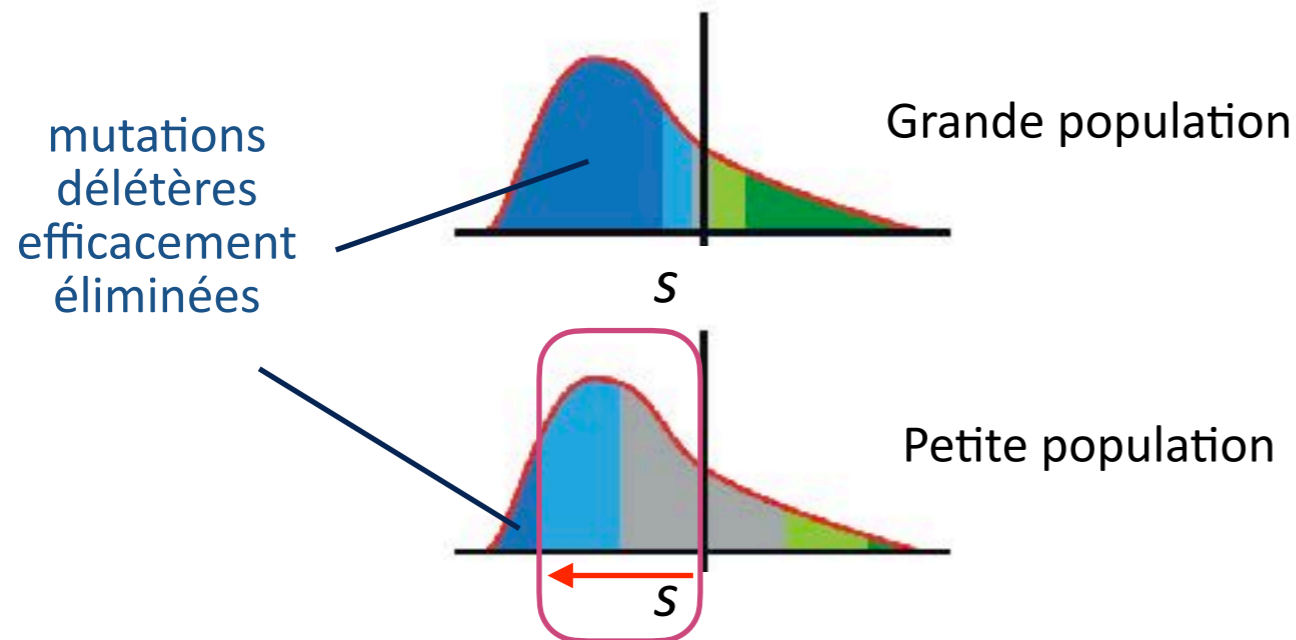
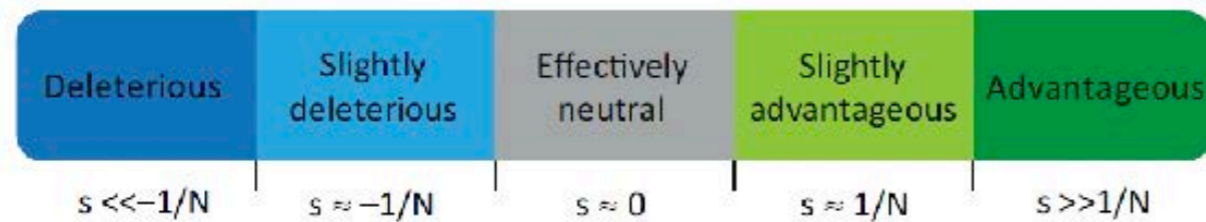
# Le devenir des mutations délétères codominantes

Lanfear, Kokko & Eyre-Walker, 2014



# Le devenir des mutations délétères codominantes

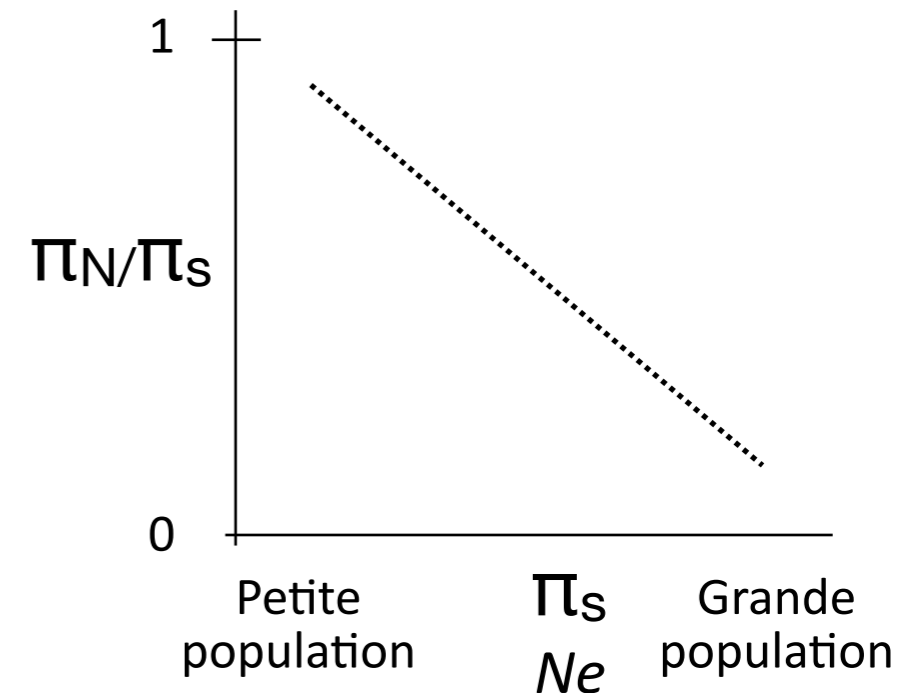
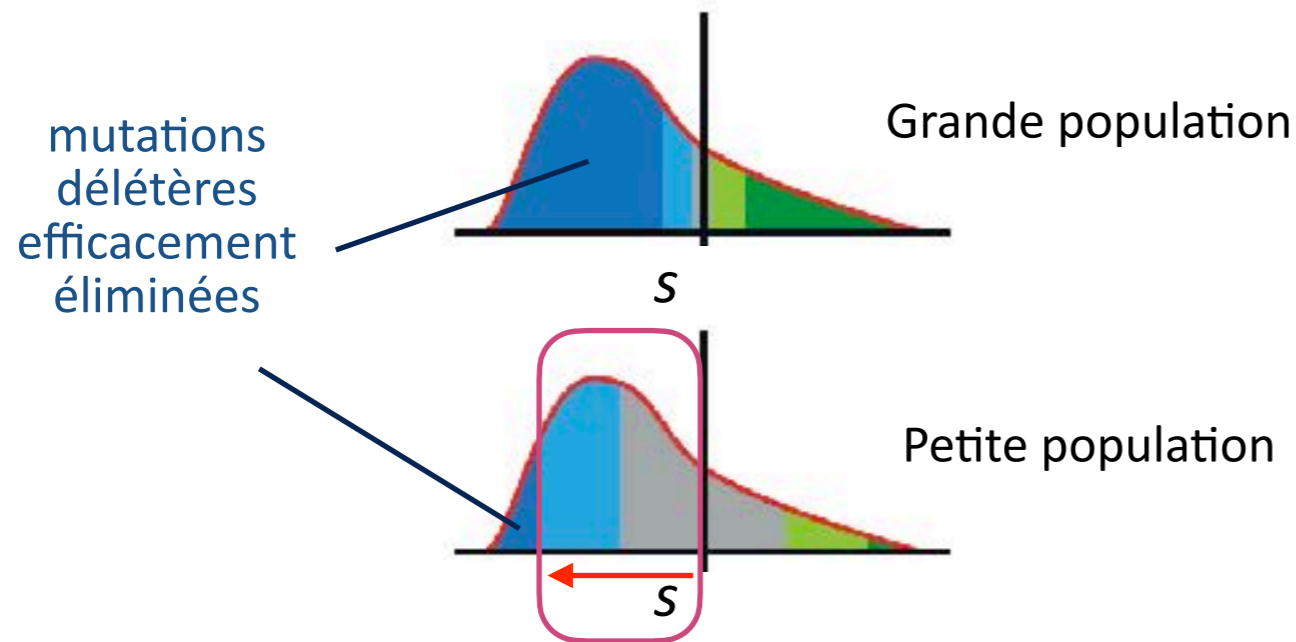
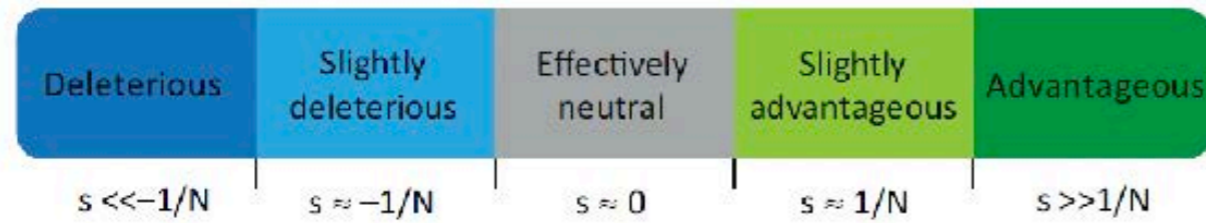
Lanfear, Kokko & Eyre-Walker, 2014



-> des mutations non-synonymes d'effets faibles ou modérés s'accumulent de façon inversement proportionnelle à  $N_e \cdot s$ , composant ainsi une partie du fardeau génétique

# Le devenir des mutations délétères codominantes

Lanfear, Kokko & Eyre-Walker, 2014

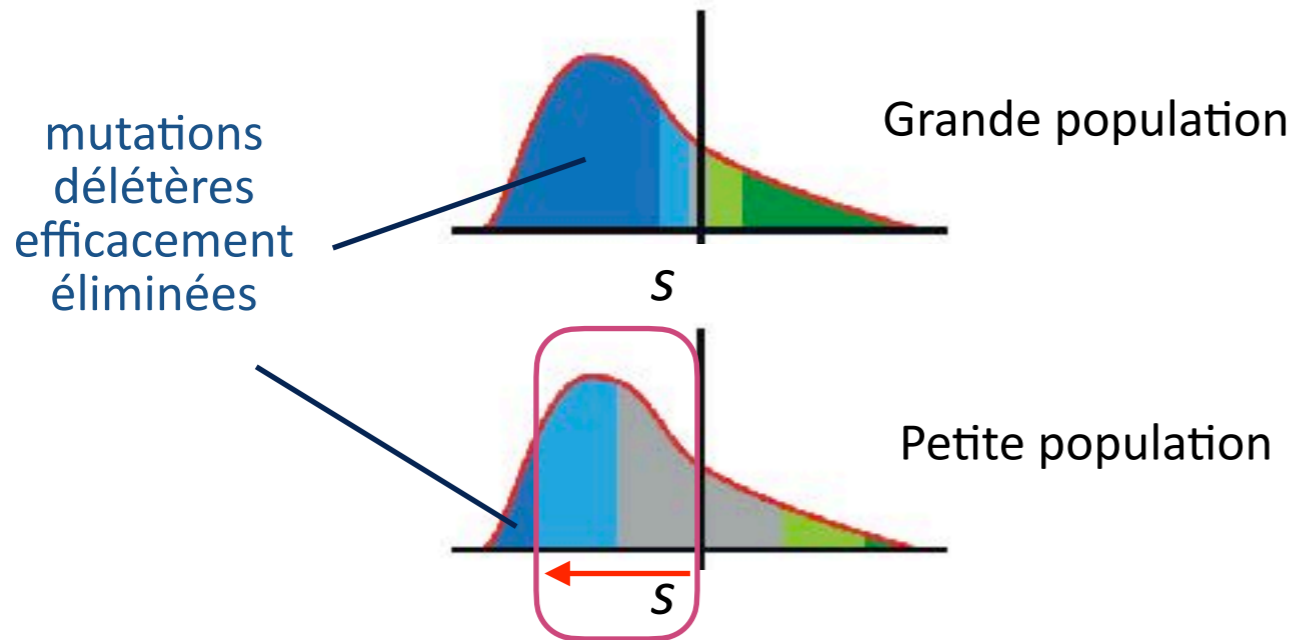
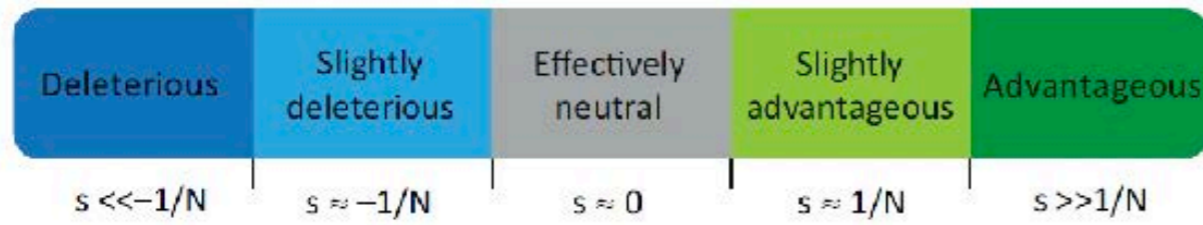


-> diversité relative des mutations non-synonymes plus élevée pour des valeurs de  $Ne$  et  $\pi$  plus faibles

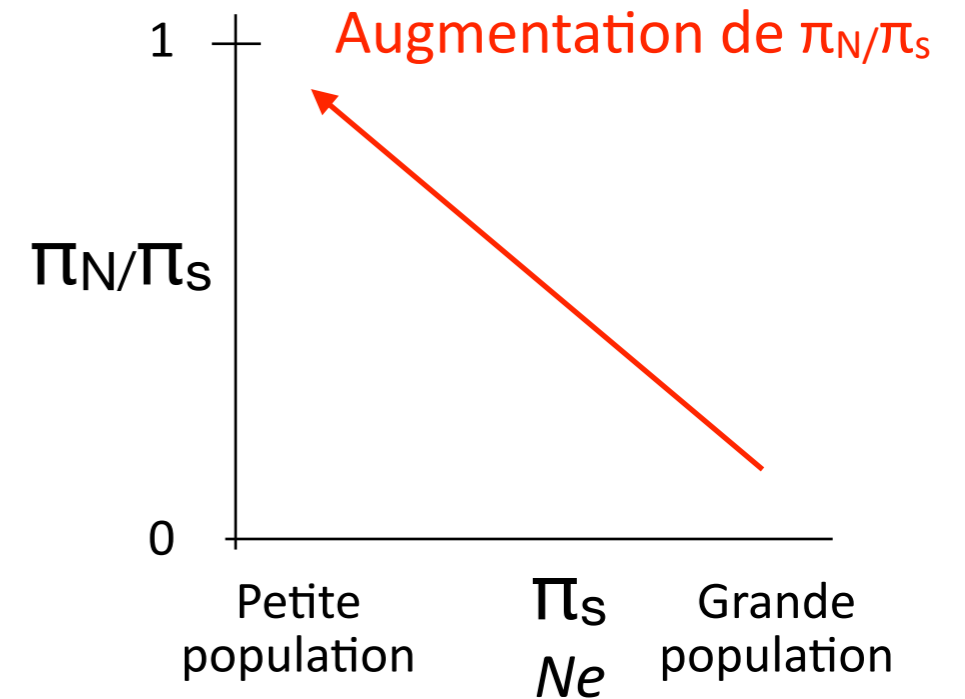
-> des mutations non-synonymes d'effets faibles ou modérés s'accumulent de façon inversement proportionnelle à  $Ne \cdot S$ , composant ainsi une partie du fardeau génétique

# Le devenir des mutations délétères codominantes

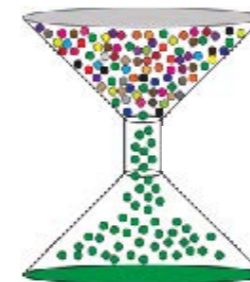
Lanfear, Kokko & Eyre-Walker, 2014



-> des mutations non-synonymes d'effets faibles ou modérés s'accumulent de façon inversement proportionnelle à  $N_e \cdot s$ , composant ainsi une partie du fardeau génétique



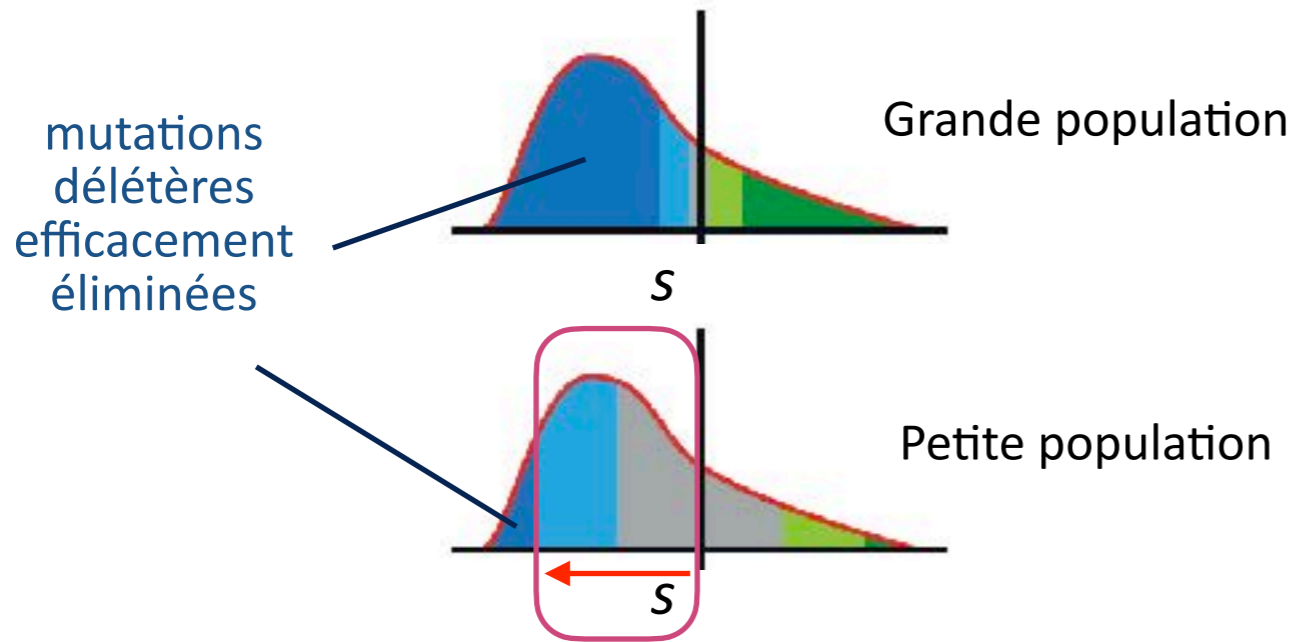
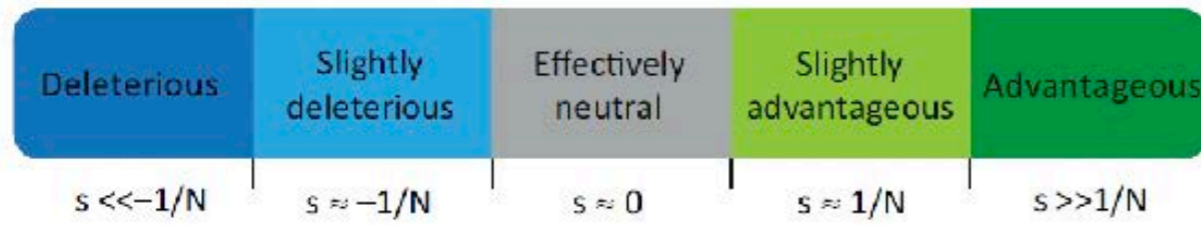
-> diversité relative des mutations non-synonymes plus élevée pour des valeurs de  $N_e$  et  $\pi$  plus faibles



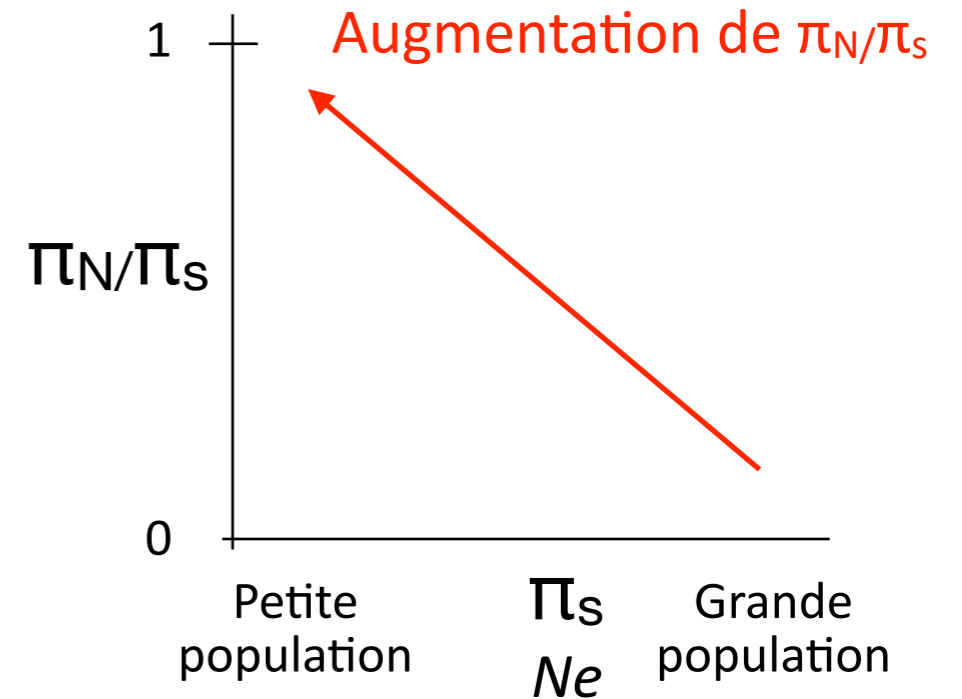
Lors d'une réduction de  $N_e$

# Le devenir des mutations délétères codominantes

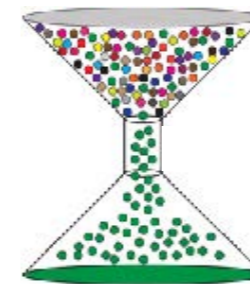
Lanfear, Kokko & Eyre-Walker, 2014



-> des mutations non-synonymes d'effets faibles ou modérés s'accumulent de façon inversement proportionnelle à  $Ne \cdot s$ , composant ainsi une partie du fardeau génétique

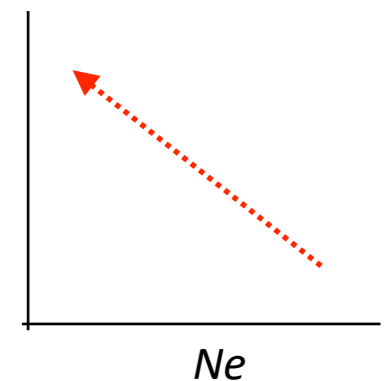


-> diversité relative des mutations non-synonymes plus élevée pour des valeurs de  $Ne$  et  $\pi$  plus faibles



Lors d'une réduction de  $Ne$

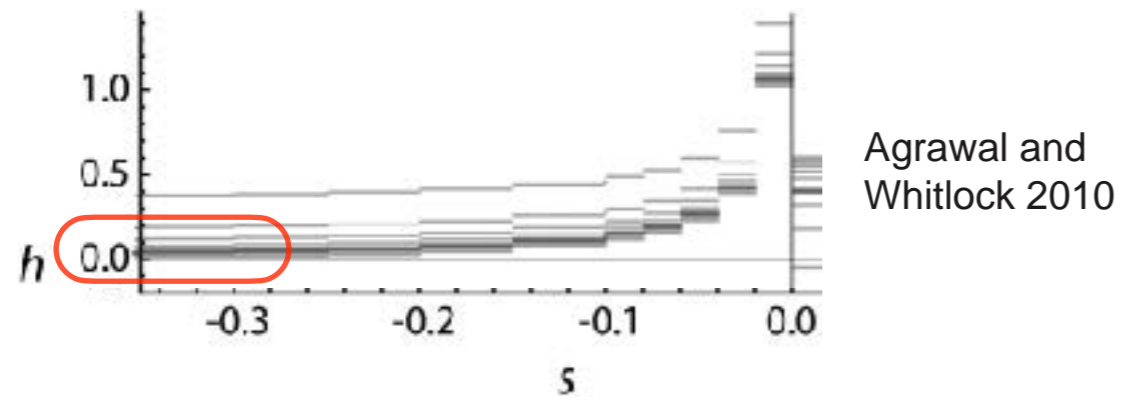
Homozygotes dérivés  
Fixations d'allèles délétères



# Le devenir des mutations délétères récessives

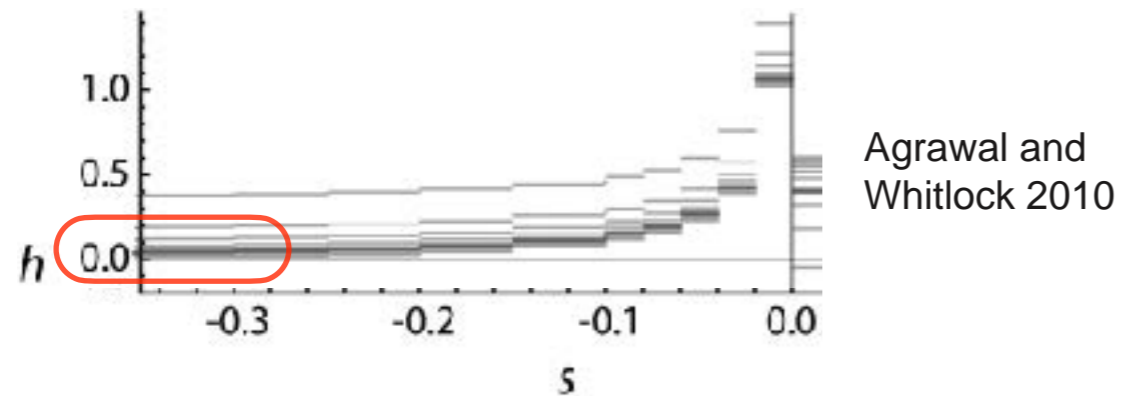
# Le devenir des mutations délétères récessives

- Les mutations **très délétères** sont souvent récessives



# Le devenir des mutations délétères récessives

- Les mutations **très délétères** sont souvent récessives



- La sélection est peu efficace sur les nouvelles mutations **délétères récessives**

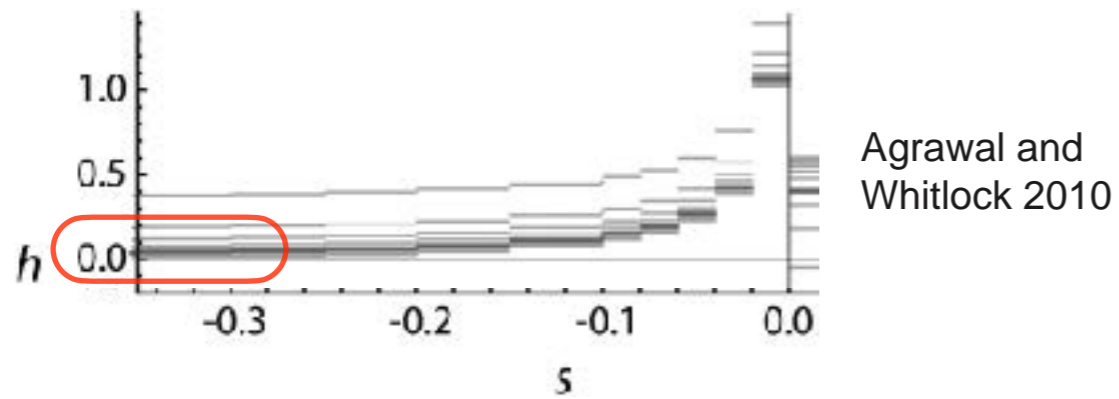
$$W_{AA} = 1$$

$$W_{Aa} = 1 - hs = \mathbf{1} \quad \rightarrow \text{Cachée}$$

$$W_{aa} = 1 - s \quad \rightarrow \text{Exprimée}$$

# Le devenir des mutations délétères récessives

- Les mutations **très délétères** sont souvent récessives



- La sélection est peu efficace sur les nouvelles mutations **délétères récessives**

$$W_{AA} = 1$$

$$W_{Aa} = 1 - hs = \mathbf{1} \quad \rightarrow \text{Cachée}$$

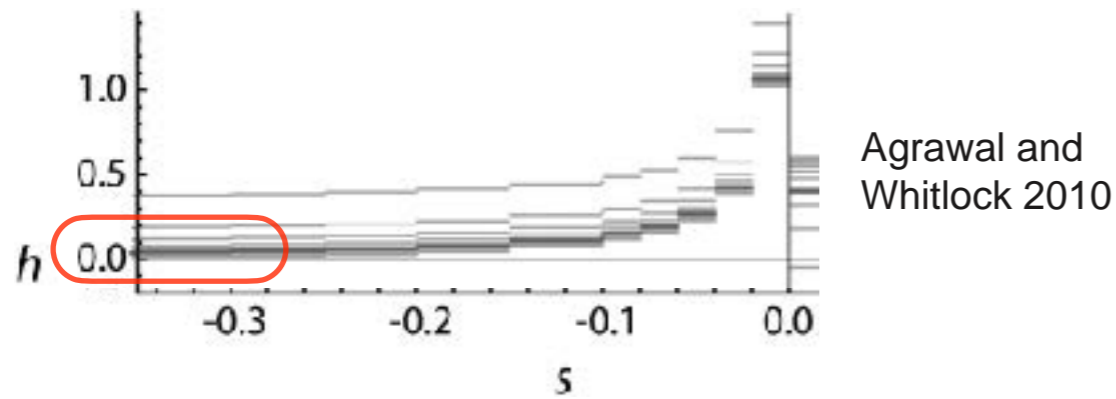
$$W_{aa} = 1 - s \quad \rightarrow \text{Exprimée}$$

- Accumulation d'un **fardeau masqué** composé de mutations **récessives délétères**, à de nombreux locus



# Le devenir des mutations délétères récessives

- Les mutations **très délétères** sont souvent récessives



- La sélection est peu efficace sur les nouvelles mutations **délétères récessives**

$$W_{AA} = 1$$

$$W_{Aa} = 1 - hs = \mathbf{1} \quad \rightarrow \text{Cachée}$$

$$W_{aa} = 1 - s \quad \rightarrow \text{Exprimée}$$

- Accumulation d'un **fardeau masqué** composé de mutations **récessives délétères**, à de nombreux loci

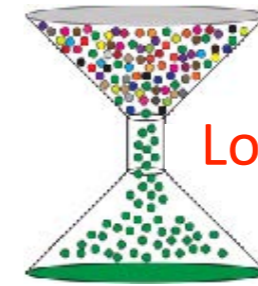
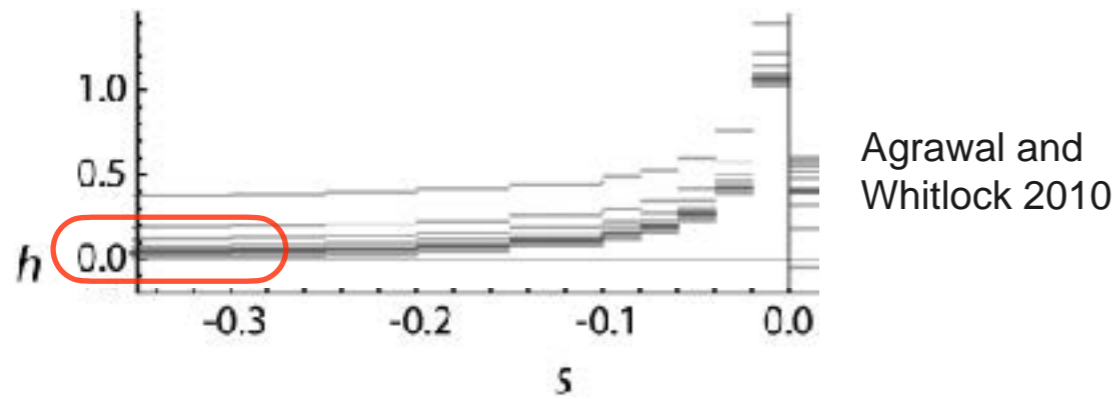


- Plus **Ne** est élevé, plus ce fardeau masqué est élevé...

(Kyriazis, Wayne, Lohmueller, 2021)

# Le devenir des mutations délétères récessives

- Les mutations **très délétères** sont souvent récessives



Lors d'une réduction de  $N_e$

- La sélection est peu efficace sur les nouvelles mutations **délétères récessives**

$$W_{AA} = 1$$

$$W_{Aa} = 1 - hs = \mathbf{1} \quad \rightarrow \text{Cachée}$$

$$W_{aa} = 1 - s \quad \rightarrow \text{Exprimée}$$

- Accumulation d'un **fardeau masqué** composé de mutations **récessives délétères**, à de nombreux loci

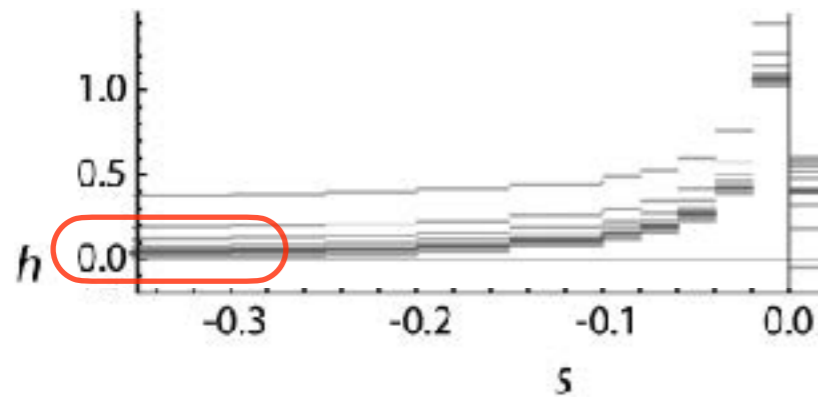


- Plus  $N_e$  est élevé, plus ce fardeau masqué est élevé...

(Kyriazis, Wayne, Lohmueller, 2021)

# Le devenir des mutations délétères récessives

- Les mutations **très délétères** sont souvent récessives



Agrawal and Whitlock 2010

- La sélection est peu efficace sur les nouvelles mutations **délétères récessives**

$$W_{AA} = 1$$

$$W_{Aa} = 1 - hs = \mathbf{1} \quad \rightarrow \text{Cachée}$$

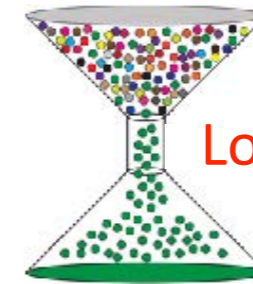
$$W_{aa} = 1 - s \quad \rightarrow \text{Exprimée}$$

- Accumulation d'un **fardeau masqué** composé de mutations **récessives délétères**, à de nombreux locus



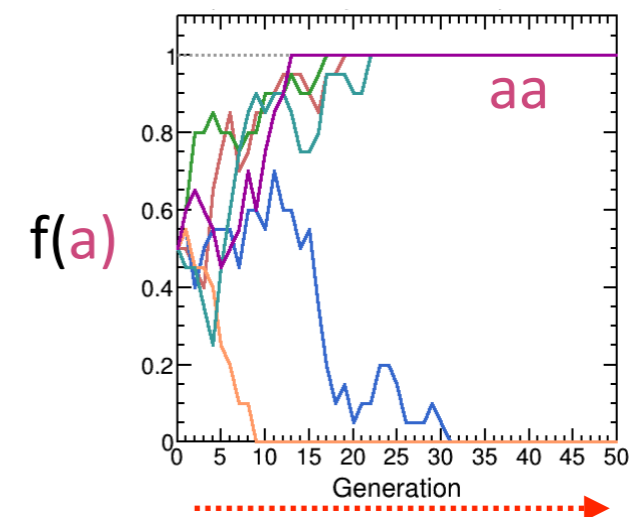
- Plus **Ne** est élevé, plus ce fardeau masqué est élevé...

(Kyriazis, Wayne, Lohmueller, 2021)



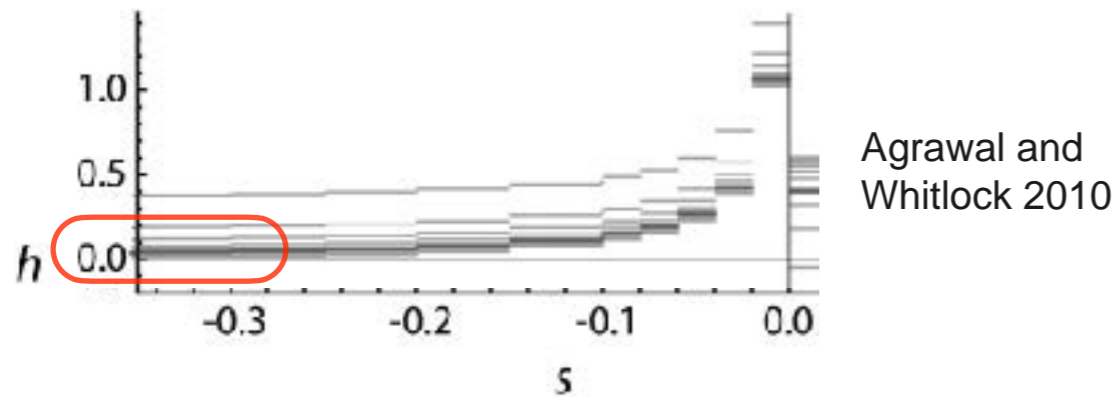
Lors d'une réduction de  $N_e$

- Dérive génétique



# Le devenir des mutations délétères récessives

- Les mutations **très délétères** sont souvent récessives



- La sélection est peu efficace sur les nouvelles mutations **délétères récessives**

$$W_{AA} = 1$$

$$W_{Aa} = 1 - hs = \mathbf{1} \quad \rightarrow \text{Cachée}$$

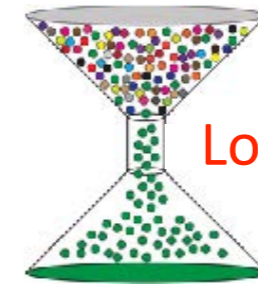
$$W_{aa} = 1 - s \quad \rightarrow \text{Exprimée}$$

- Accumulation d'un **fardeau masqué** composé de mutations **récessives délétères**, à de nombreux loci



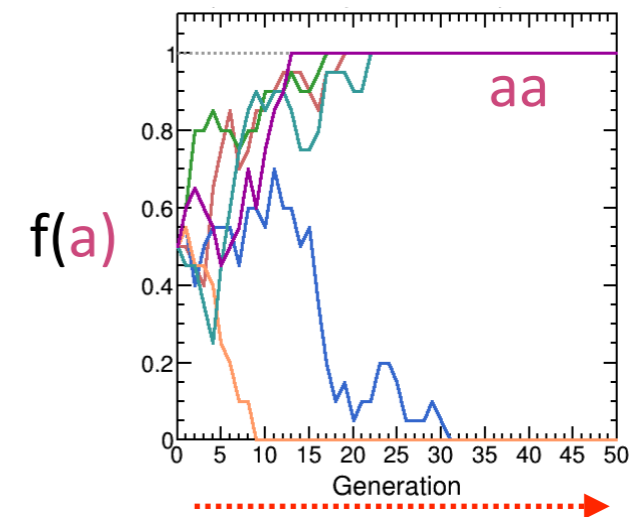
- Plus **Ne** est élevé, plus ce fardeau masqué est élevé...

(Kyriazis, Wayne, Lohmueller, 2021)

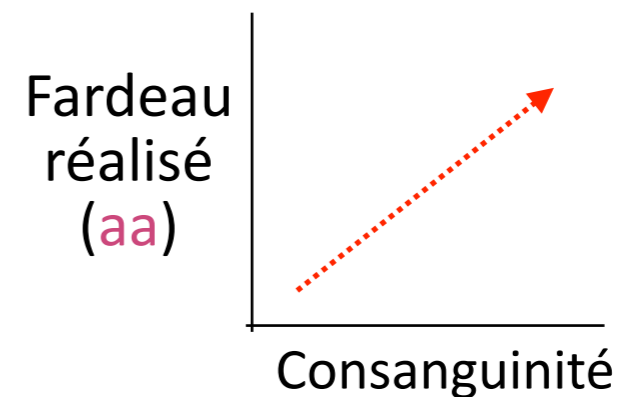


Lors d'une réduction de  $N_e$

- Dérive génétique



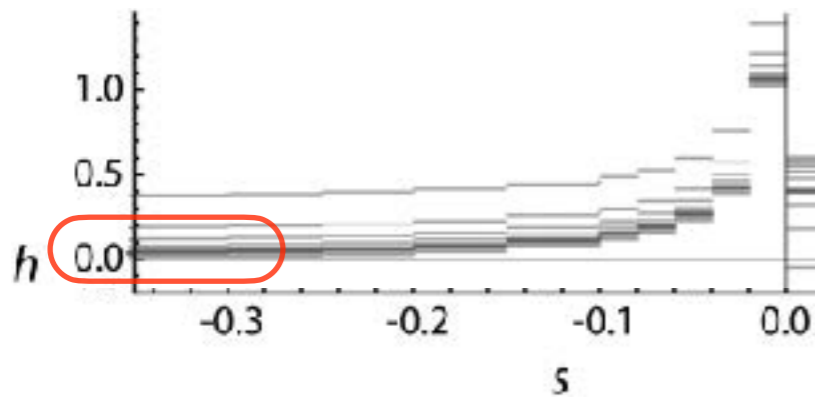
Dépression de consanguinité



(Dussex et al 2023)

# Le devenir des mutations délétères récessives

- Les mutations **très délétères** sont souvent récessives



Agrawal and Whitlock 2010

- La sélection est peu efficace sur les nouvelles mutations **délétères récessives**

$$W_{AA} = 1$$

$$W_{Aa} = 1 - hs = \mathbf{1} \quad \rightarrow \text{Cachée}$$

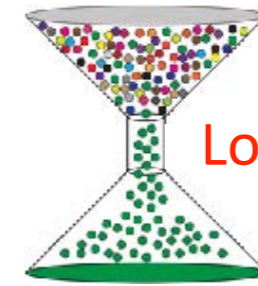
$$W_{aa} = 1 - s \quad \rightarrow \text{Exprimée}$$

- Accumulation d'un **fardeau masqué** composé de mutations **récessives délétères**, à de nombreux locus



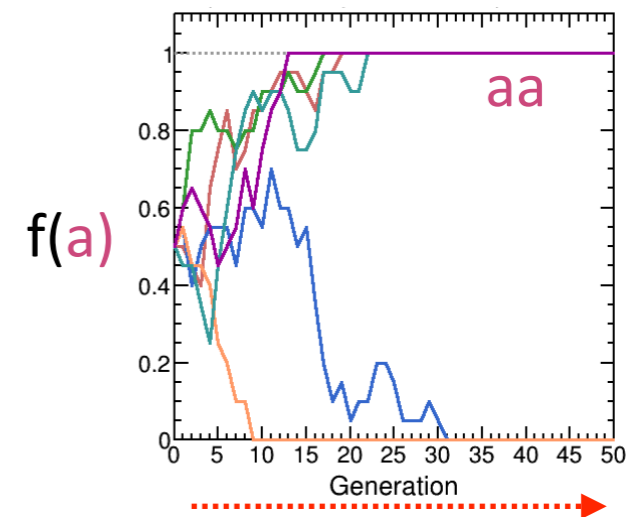
- Plus **Ne** est élevé, plus ce fardeau masqué est élevé...

(Kyriazis, Wayne, Lohmueller, 2021)



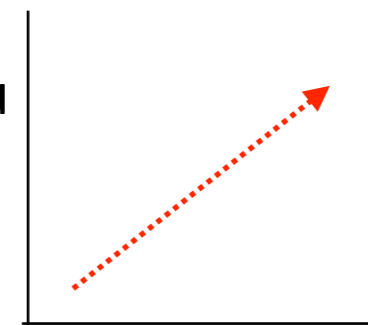
Lors d'une réduction de  $N_e$

- Dérive génétique



Dépression de consanguinité

Fardeau réalisé (aa)



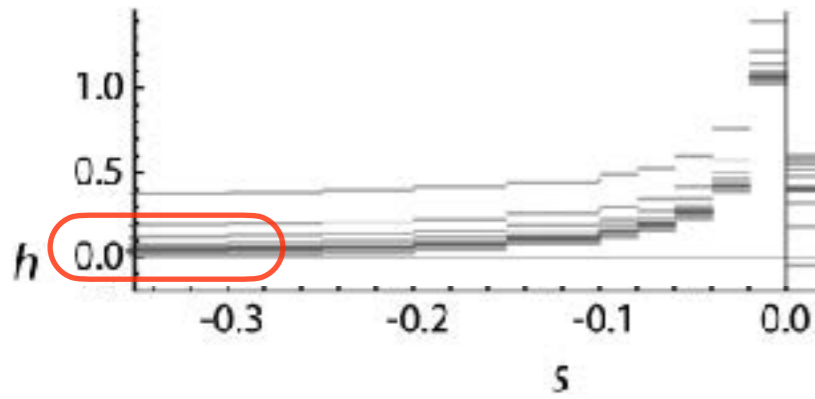
Consanguinité

(S. Peischl, L. Excoffier 2015)

(Dussex et al 2023)

# Le devenir des mutations délétères récessives

- Les mutations **très délétères** sont souvent récessives



Agrawal and Whitlock 2010

- La sélection est peu efficace sur les nouvelles mutations **délétères récessives**

$$W_{AA} = 1$$

$$W_{Aa} = 1 - hs = \mathbf{1} \quad \rightarrow \text{Cachée}$$

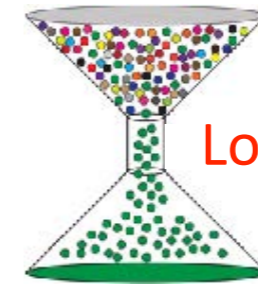
$$W_{aa} = 1 - s \quad \rightarrow \text{Exprimée}$$

- Accumulation d'un **fardeau masqué** composé de mutations **récessives délétères**, à de nombreux locus



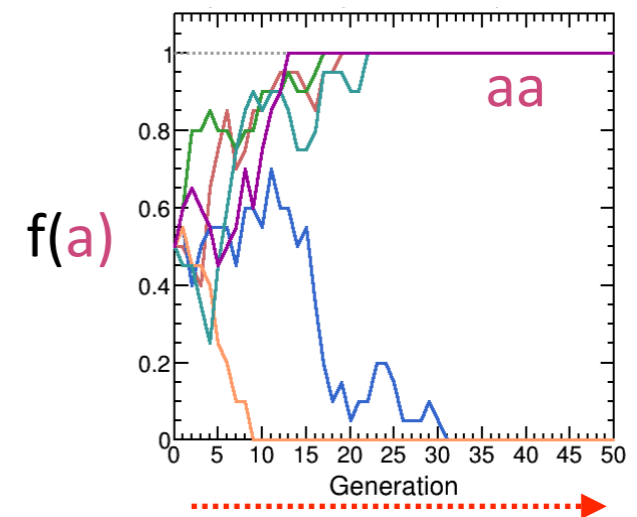
- Plus **Ne** est élevé, plus ce fardeau masqué est élevé...

(Kyriazis, Wayne, Lohmueller, 2021)



Lors d'une réduction de  $N_e$

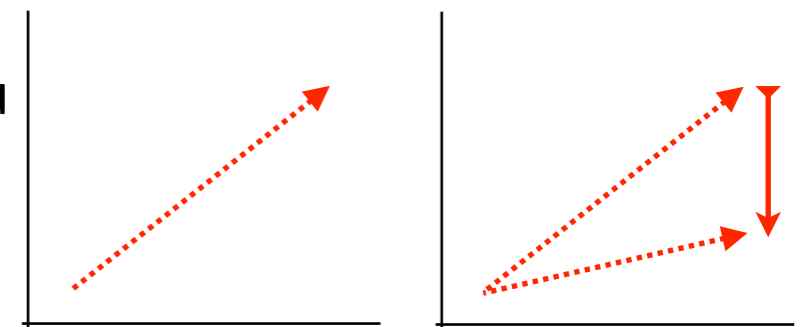
- Dérive génétique



Dépression de consanguinité

Purge

Fardeau réalisé (aa)



Consanguinité

(S. Peischl, L. Excoffier 2015)

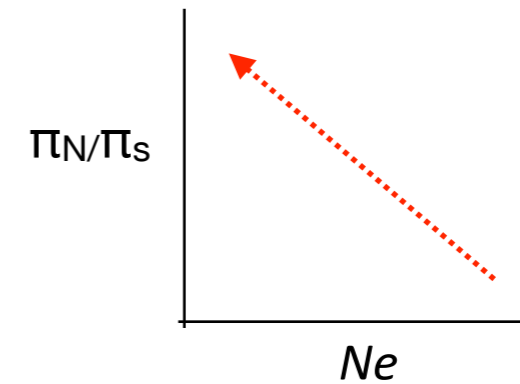
(Dussex et al 2023)

(Agrawal & Chasnov 2001)

# Résumé des prédictions théoriques à étudier empiriquement au cours des invasions et expansions

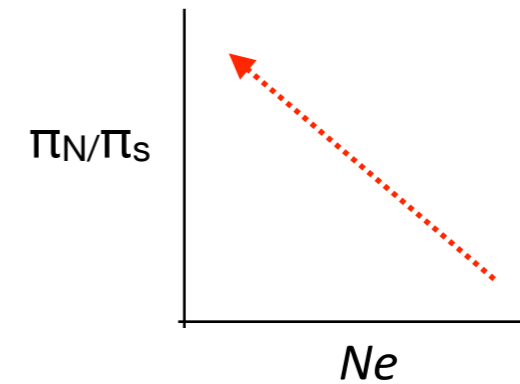
# Résumé des prédictions théoriques à étudier empiriquement au cours des invasions et expansions

*Relâche de la sélection*  
Augmentation du  $\pi_N/\pi_S$

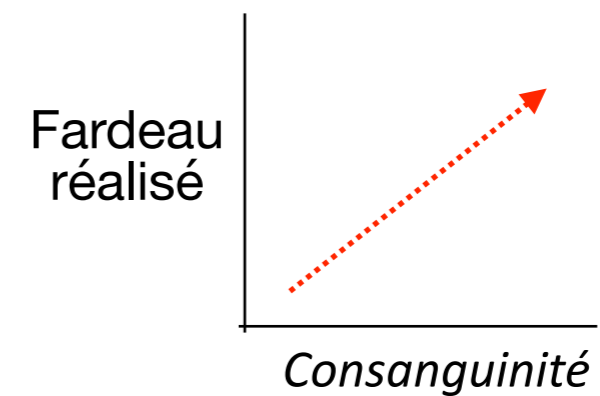


# Résumé des prédictions théoriques à étudier empiriquement au cours des invasions et expansions

*Relâche de la sélection*  
Augmentation du  $\pi_N/\pi_S$

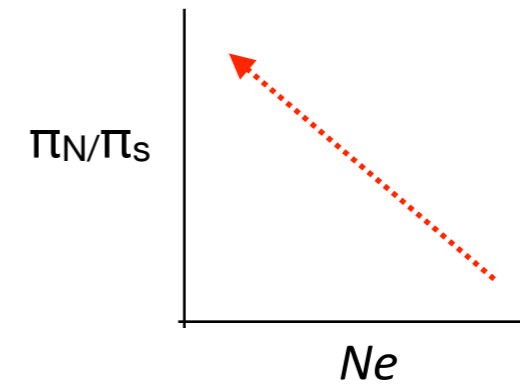


*Dépression de consanguinité*  
Augmentation du fardeau réalisé

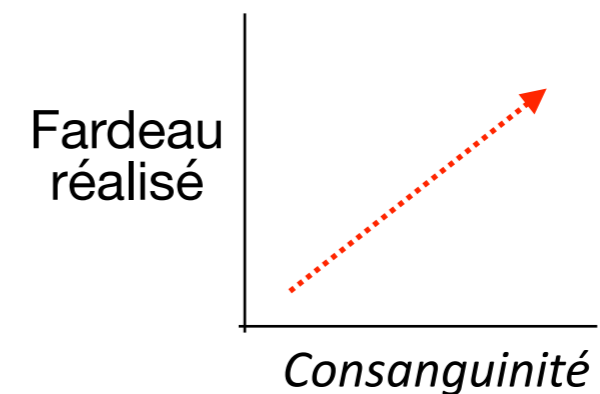


# Résumé des prédictions théoriques à étudier empiriquement au cours des invasions et expansions

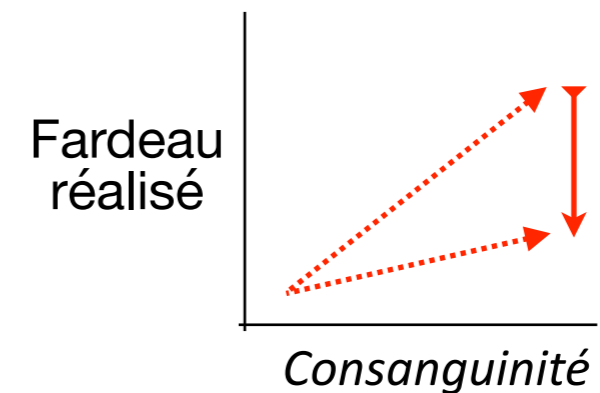
*Relâche de la sélection*  
Augmentation du  $\pi_N/\pi_S$



*Dépression de consanguinité*  
Augmentation du fardeau réalisé



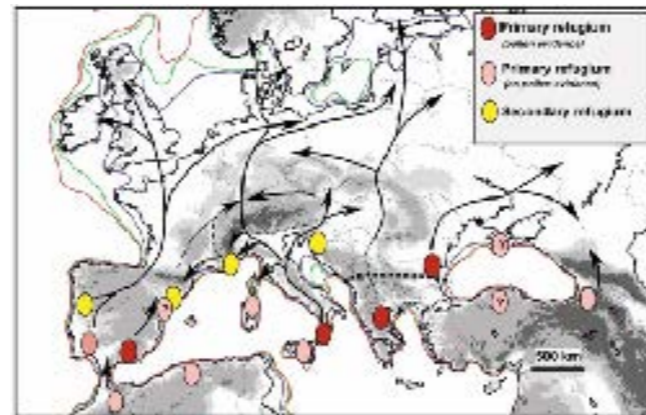
*Purge*  
Augmentation du fardeau réalisé plus faible qu'attendue  
...récessifs uniquement



**Le fardeau de mutations délétères :  
un enjeu de gestion des populations  
dans le cadre des expansions et invasions**

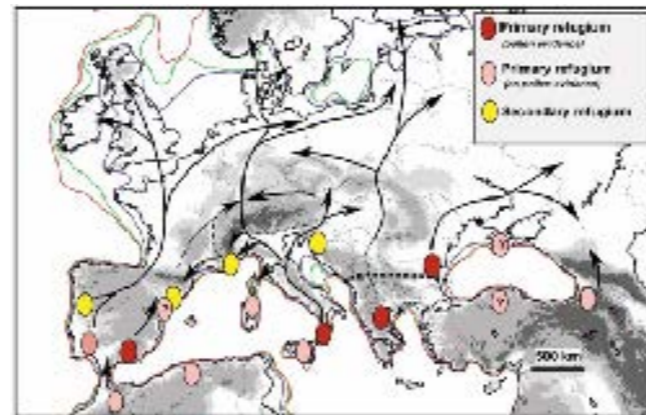
# Le fardeau de mutations délétères : un enjeu de gestion des populations dans le cadre des expansions et invasions

- Gestion des **expansions** d'espèces d'intérêt  
...qui doivent purger le fardeau d'expansion  
pour conserver une valeur sélective et  
démographie correcte



# Le fardeau de mutations délétères : un enjeu de gestion des populations dans le cadre des expansions et invasions

- Gestion des **expansions** d'espèces d'intérêt  
...qui doivent purger le fardeau d'expansion  
pour conserver une valeur sélective et  
démographie correcte



- Sauvetage génétique?
- Attention au fardeau caché?

Comment | Published: 04 May 2020

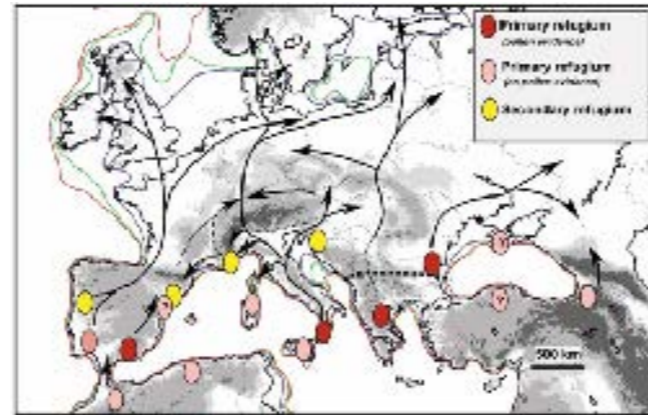
## **Mutation load is the spectre of species conservation**

[Cock van Oosterhout](#) ✉

[Nature Ecology & Evolution](#) 4, 1004–1006 (2020) | [Cite this article](#)

# Le fardeau de mutations délétères : un enjeu de gestion des populations dans le cadre des expansions et invasions

- Gestion des **expansions** d'espèces d'intérêt  
...qui doivent purger le fardeau d'expansion  
pour conserver une valeur sélective et  
démographie correcte



- Sauvetage génétique?
- Attention au fardeau caché?

Comment | Published: 04 May 2020

## Mutation load is the spectre of species conservation

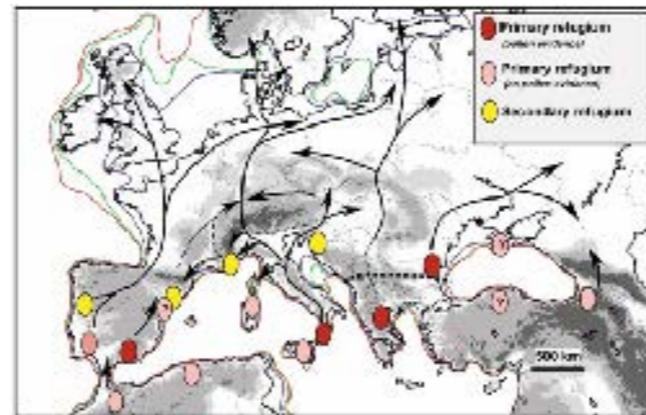
[Cock van Oosterhout](#) ✉

[Nature Ecology & Evolution](#) 4, 1004–1006 (2020) | [Cite this article](#)

- Gestion des **expansions & invasions** d'espèces nuisibles  
...dont la valeur sélective peut être transitoirement  
réduite par une accumulation de fardeau, mais  
pourrait ensuite augmenter via des flux géniques (p.ex.  
introductions multiples)

# Le fardeau de mutations délétères : un enjeu de gestion des populations dans le cadre des expansions et invasions

- Gestion des **expansions** d'espèces d'intérêt  
...qui doivent purger le fardeau d'expansion  
pour conserver une valeur sélective et  
démographie correcte



- Sauvetage génétique?
- Attention au fardeau caché?

Comment | Published: 04 May 2020

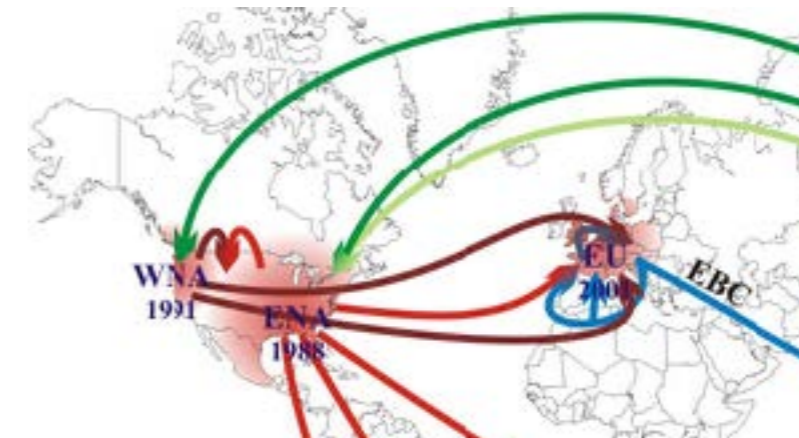
## Mutation load is the spectre of species conservation

[Cock van Oosterhout](#) ✉

[Nature Ecology & Evolution](#) 4, 1004–1006 (2020) | [Cite this article](#)

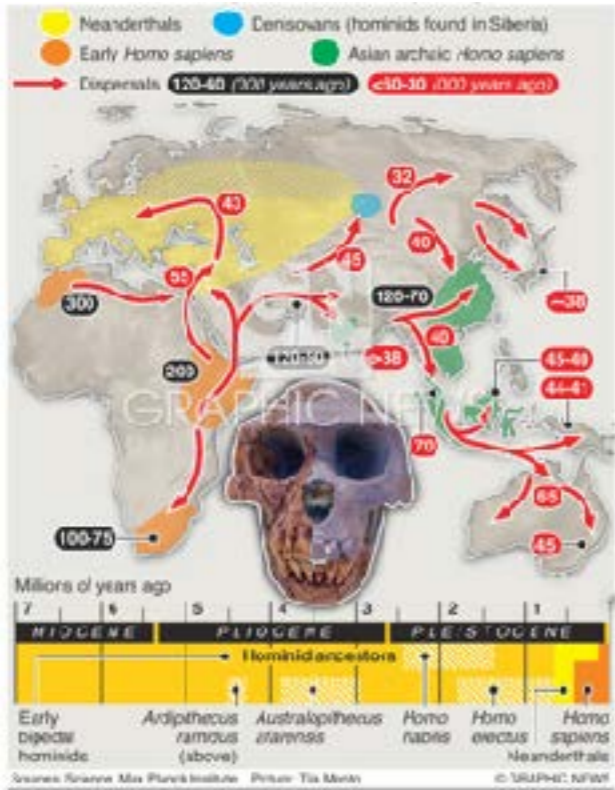
- Gestion des **expansions & invasions** d'espèces nuisibles  
...dont la valeur sélective peut être transitoirement  
réduite par une accumulation de fardeau, mais  
pourrait ensuite augmenter via des flux géniques (p.ex.  
introductions multiples)

- Surtout pas de sauvetage génétique  
non-intentionnel ?

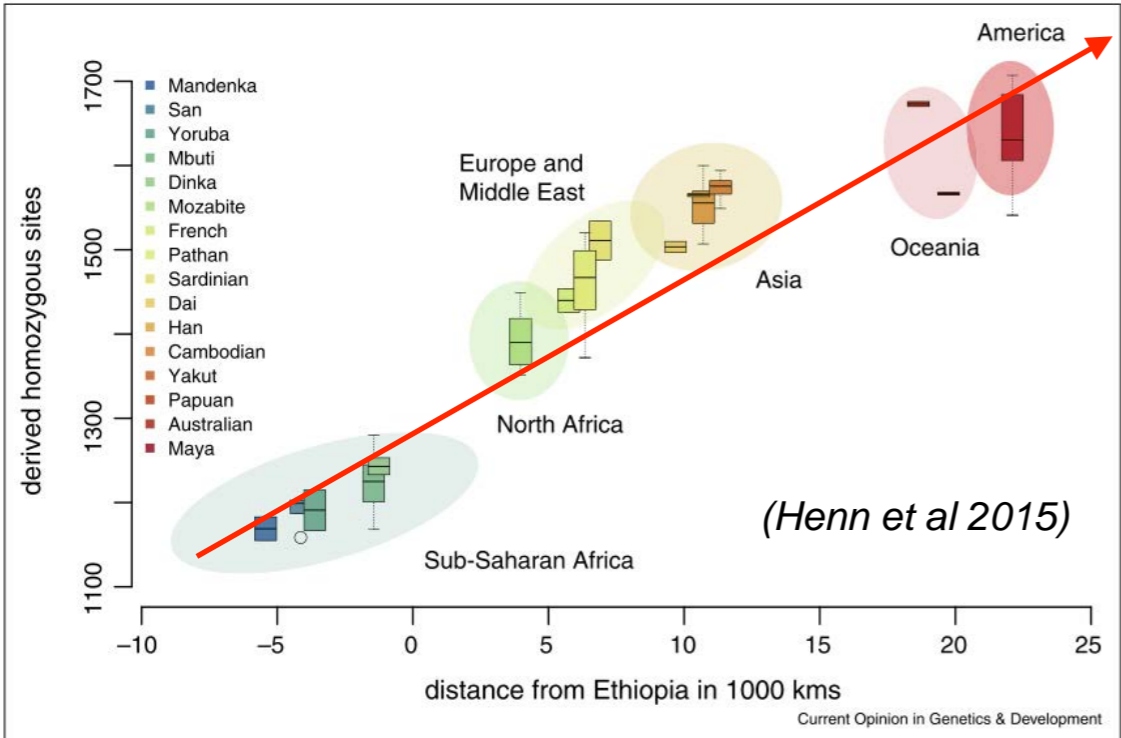


# Relativement peu d'exemples empiriques de fardeau d'expansion

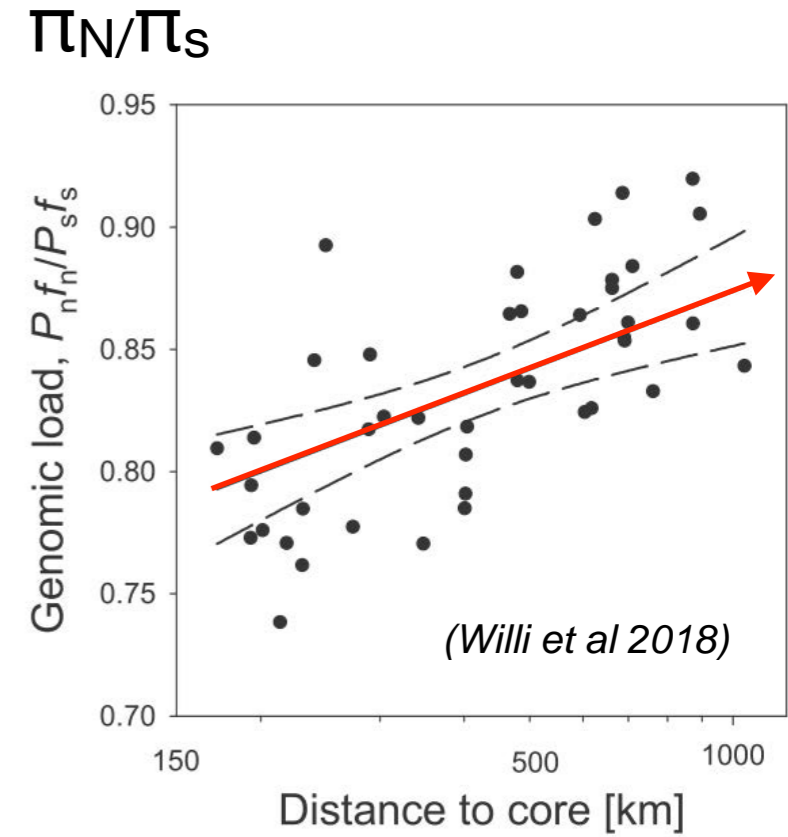
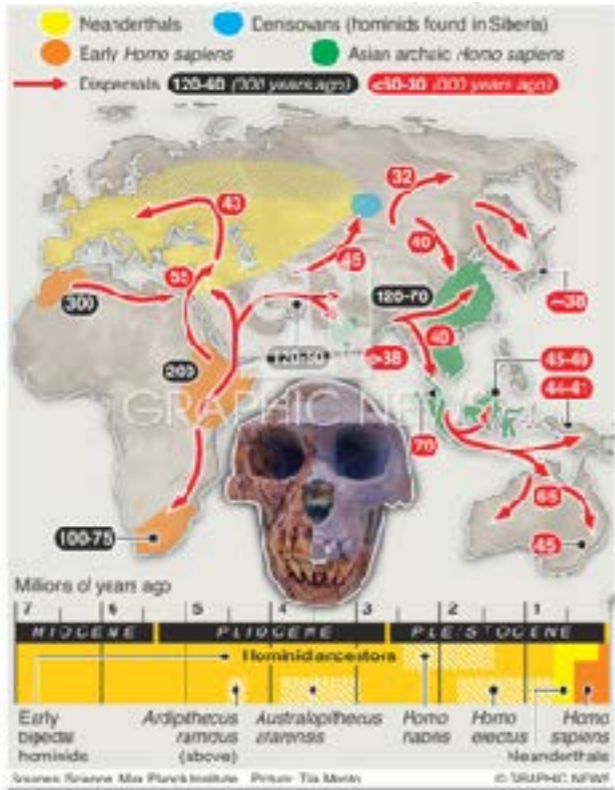
# Relativement peu d'exemples empiriques de fardeau d'expansion



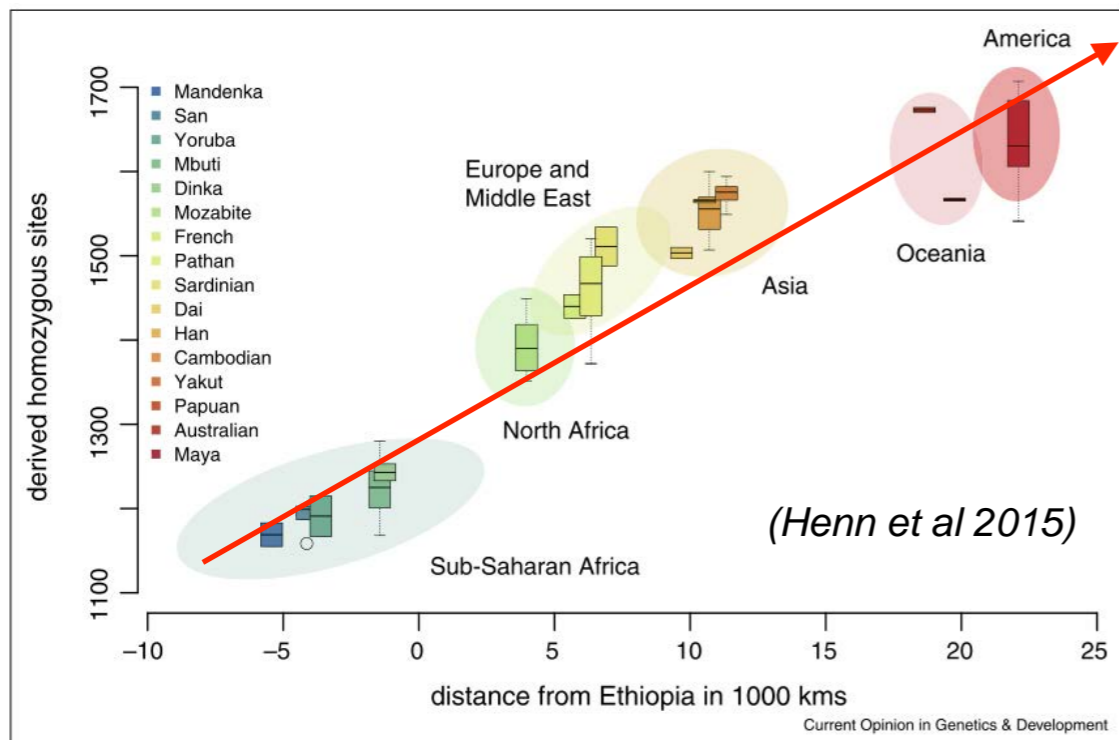
homozygotes délétères = fardeau réalisé



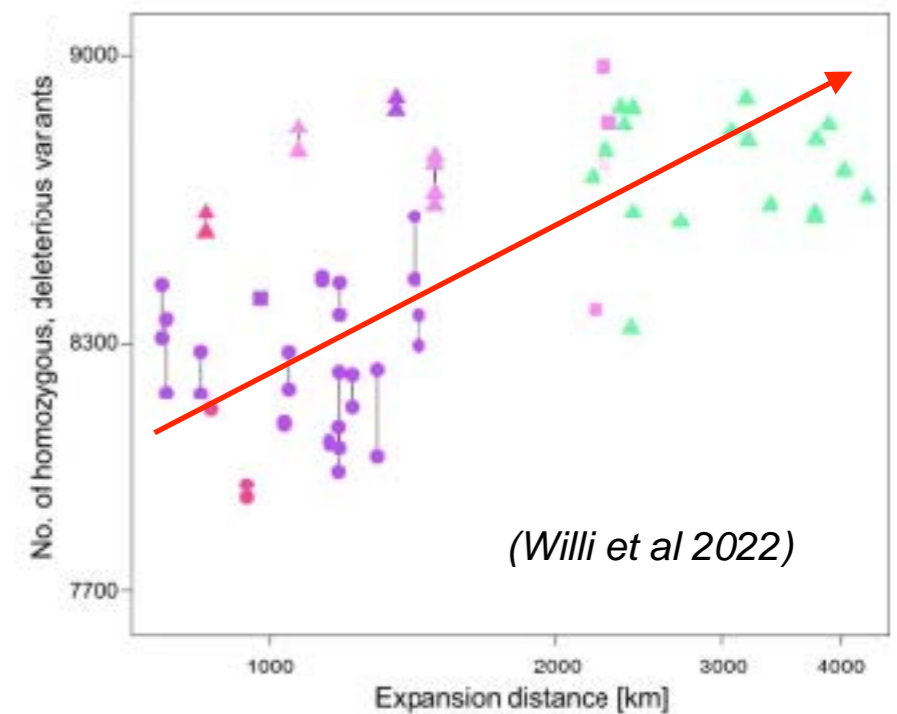
# Relativement peu d'exemples empiriques de fardeau d'expansion



homozygotes délétères = fardeau réalisé



fardeau réalisé



# Au CBGP, lancement d'études empiriques du fardeau

# Au CBGP, lancement d'études empiriques du fardeau

*processionnaire du pin*

d'expansion



# Au CBGP, lancement d'études empiriques du fardeau

*processionnaire du pin*



**d'expansion**

*gambusie*

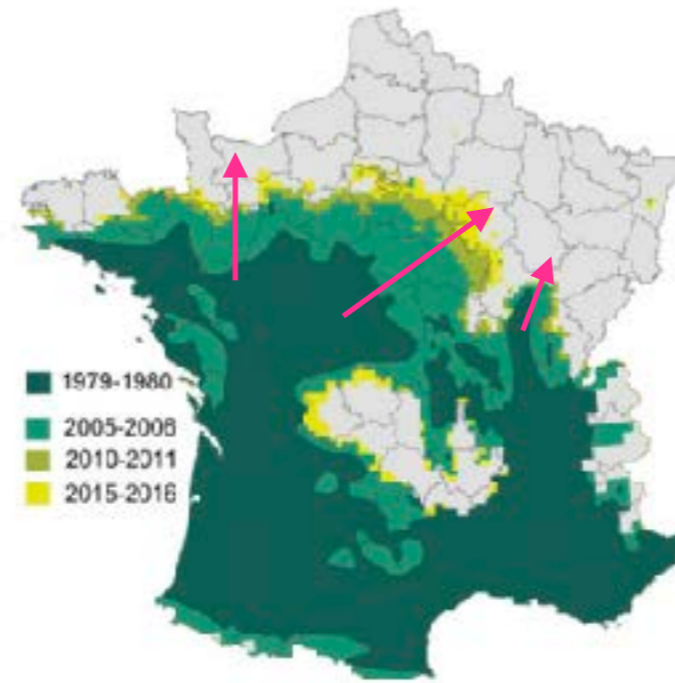


**d'invasion**



# Fardeau d'expansion de la processionnaire du pin

*Thaumetopoea pityocampa*

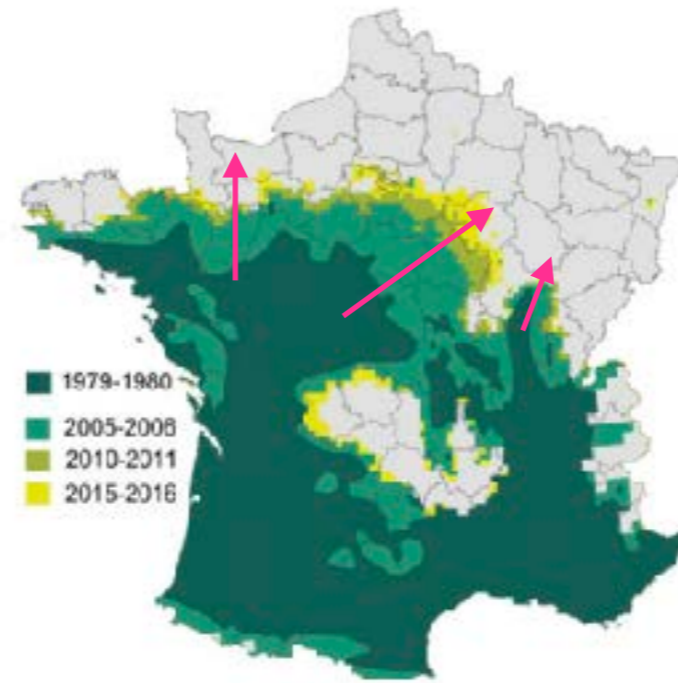


*Distribution en expansion*

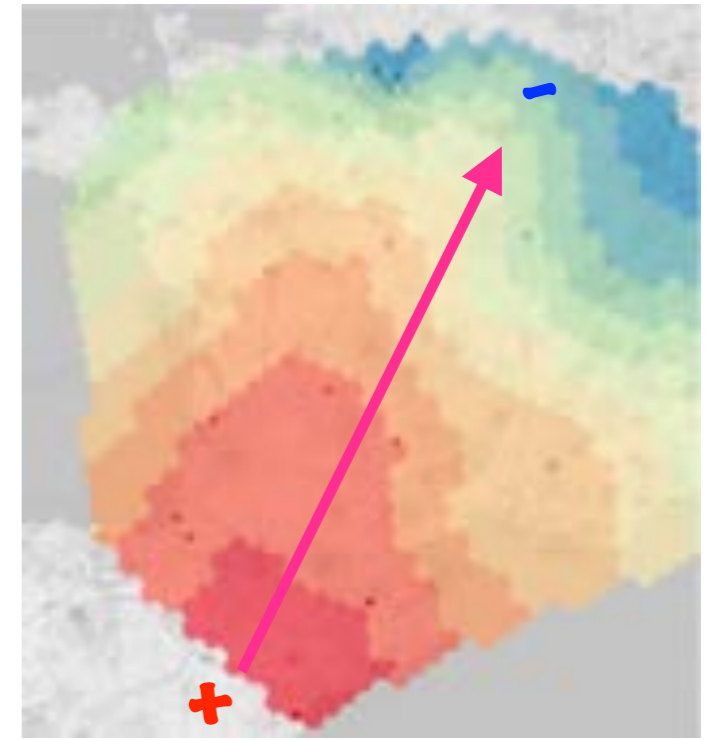


# Fardeau d'expansion de la processionnaire du pin

*Thaumetopoea pityocampa*



*Distribution en expansion*

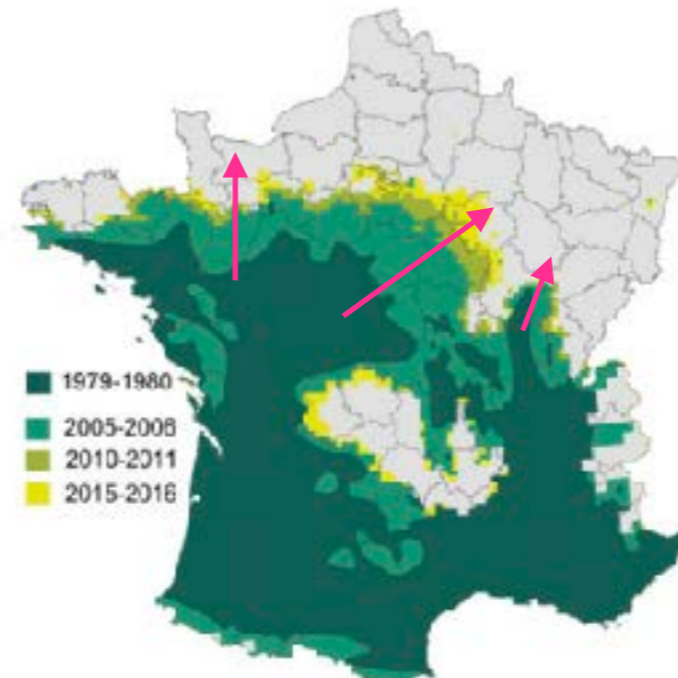


*Diversité génétique neutre*

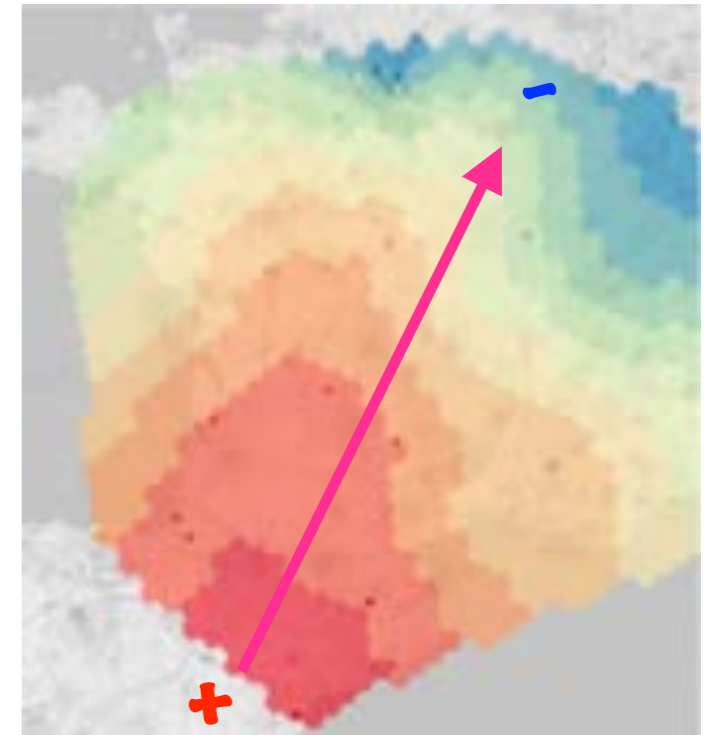


# Fardeau d'expansion de la processionnaire du pin

*Thaumetopoea pityocampa*



*Distribution en expansion*



*Diversité génétique neutre*

## Questions

Durant l'expansion,

Diminution  $\pi$  &  $N_e$  ?

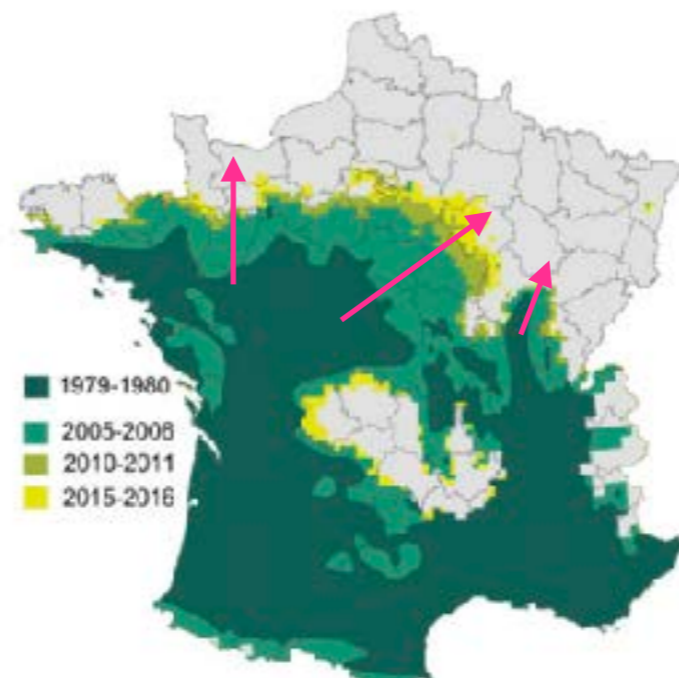
Augmentation  $F$ ,  $\pi_n/\pi_s$ , fardeau réalisé ?

Purge des variants très délétères ?

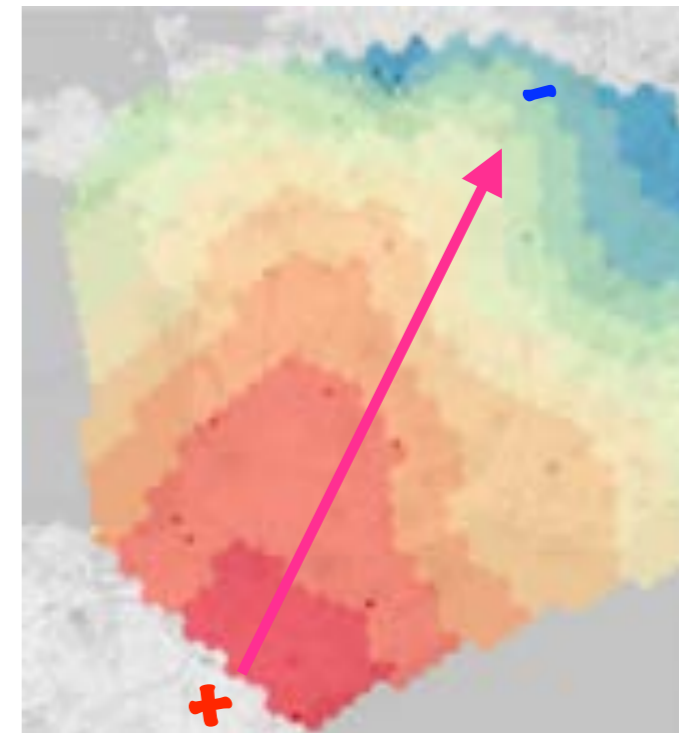


# Fardeau d'expansion de la processionnaire du pin

*Thaumetopoea pityocampa*



*Distribution en expansion*



*Diversité génétique neutre*

## Questions

- Durant l'expansion,
- Diminution  $\pi$  &  $N_e$  ?
- Augmentation  $F$ ,  $\pi_n/\pi_s$ , fardeau réalisé ?
- Purge des variants très délétères ?

## Collaboration

CBGP : C Kerdelhué, M Gautier, L Sauné, T Muller  
 ISA : E Lombaert  
 URZF : M Laparie, J Rousselet  
 Et davantage de collègues...

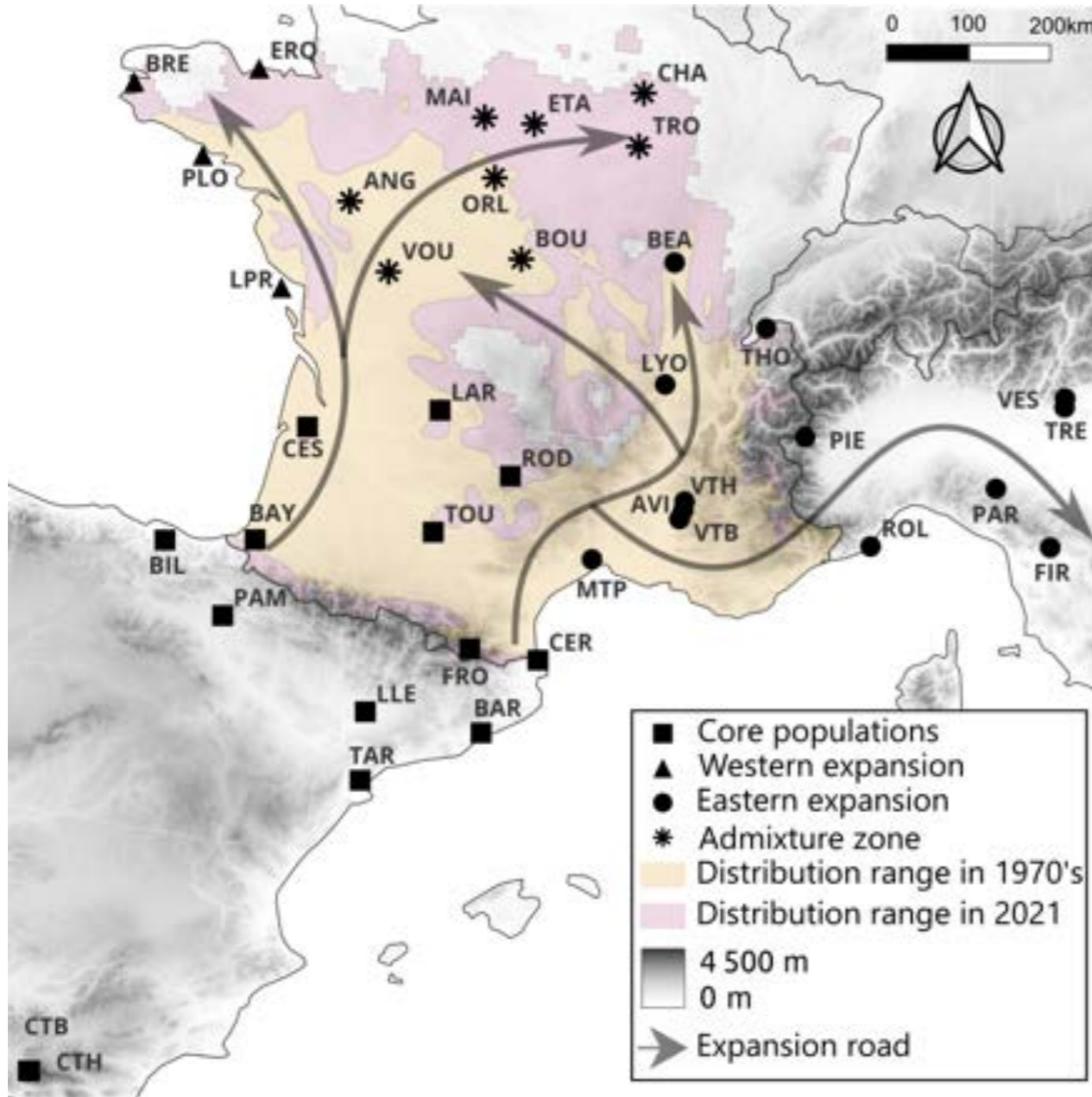
## Financements

INRAE ECODIV  
 ANR LOADEXP



# Fardeau d'expansion de la processionnaire du pin

## Échantillons et séquençage



4 IndSeq par site, 39 sites + outgroups

Merci Laure Sauné

8 to 15M SNPs

Génome de ref (M Gautier)

Annotation (P Nouhaud)



# Fardeau d'expansion de la processionnaire du pin

## Analyse

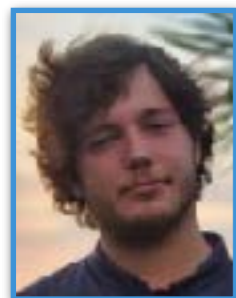


Tanguy



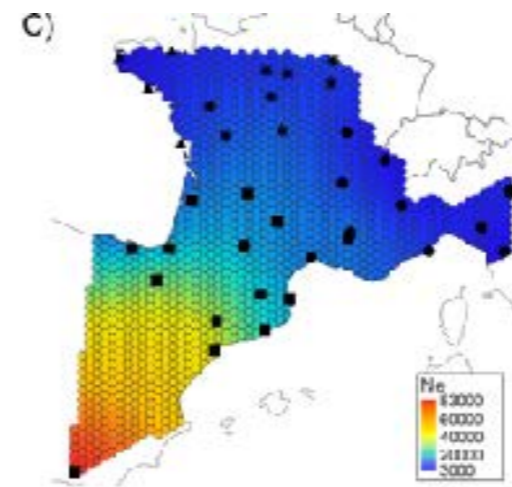
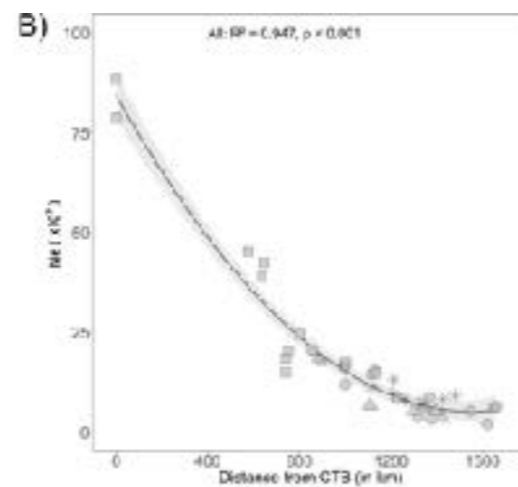
# Fardeau d'expansion de la processionnaire du pin

Analyse  $N_e$ ,  $P_i$ ,  $F$

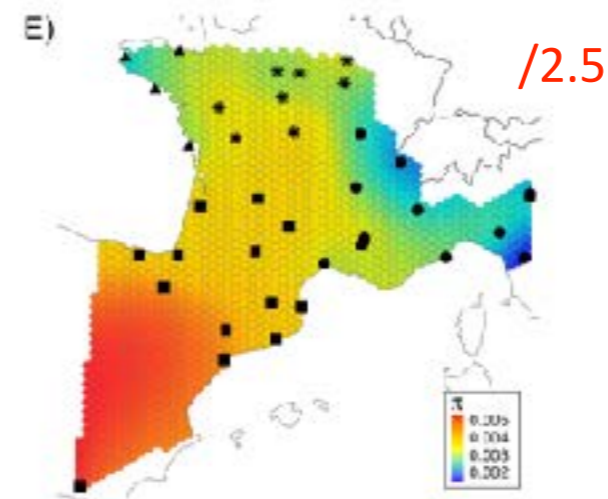
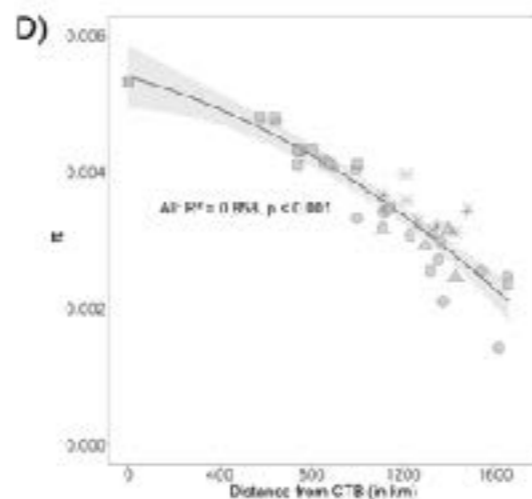


Tanguy

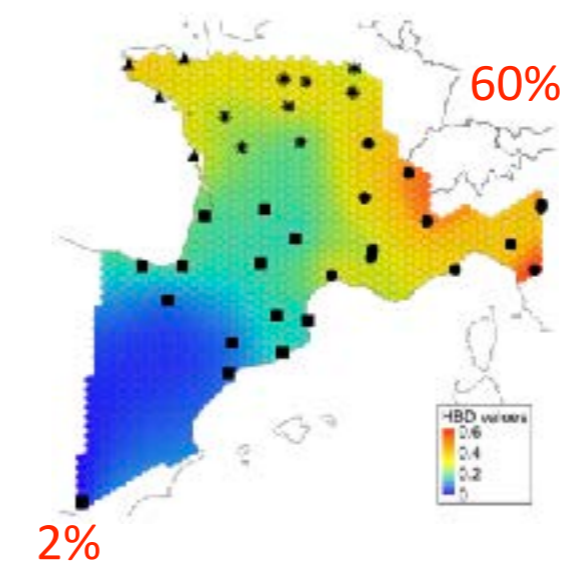
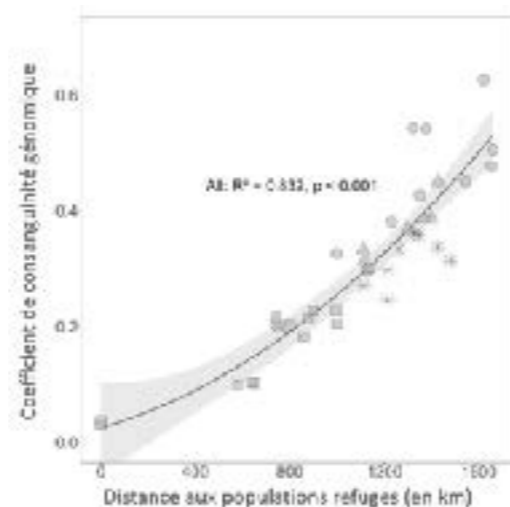
$N_e$



$\pi$



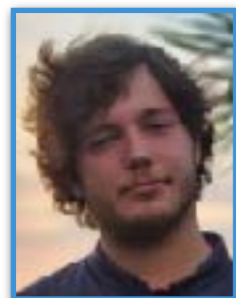
HBD





# Fardeau d'expansion de la processionnaire du pin

## Analyse fardeau de mutations



Tanguy

SNP calling : 15M			
↓ filtrage			
polarisation			
↓ prédiction d'effet :			
	Synonymes	150,000 SNPs	— SYN
	Non-syn effet faible	50,000 SNPs	— TOL
	Non-syn effet modéré	50,000 SNPs	— DEL
	Non-syn effet fort	1,250 SNPs	— LOF



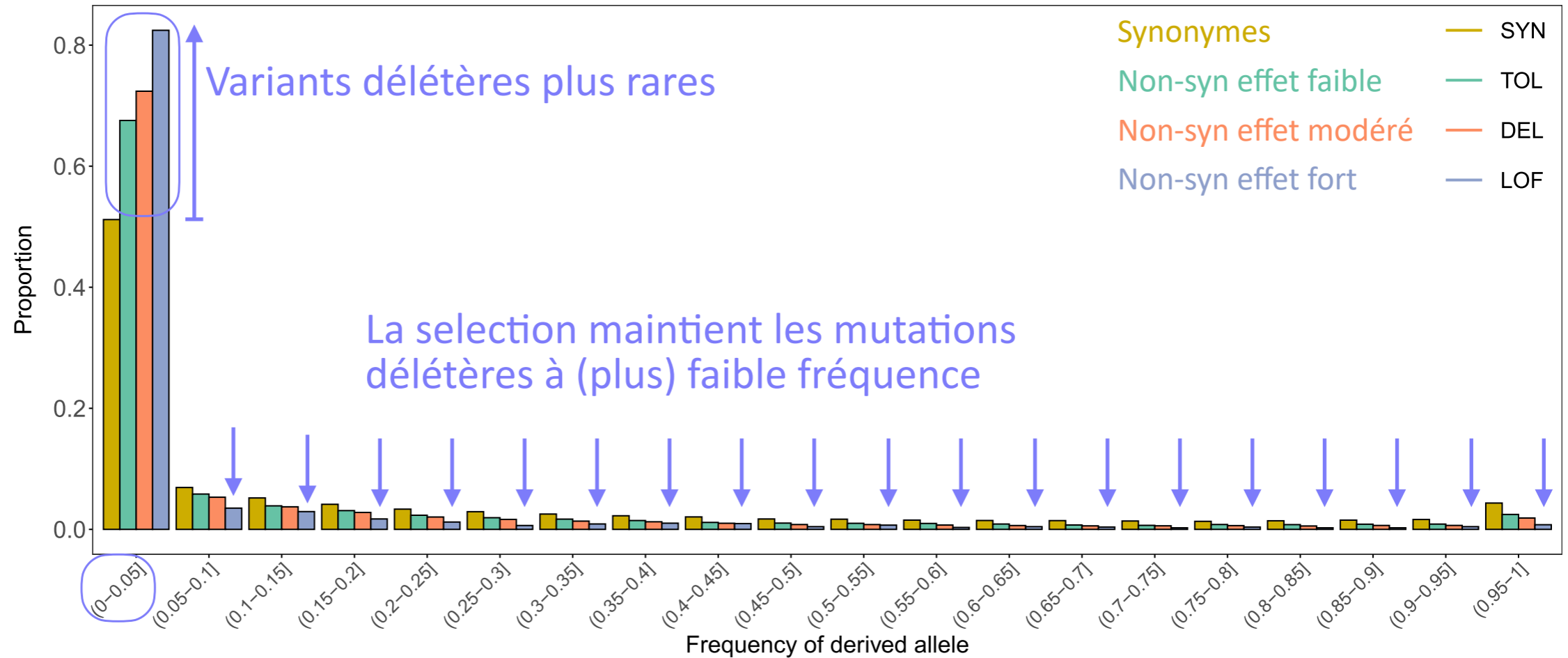
# Fardeau d'expansion de la processionnaire du pin

## Analyse fardeau de mutations



Tanguy

Spectre de fréquences alléliques



...rassure sur la prédiction d'effet et l'identification de l'allèle dérivé

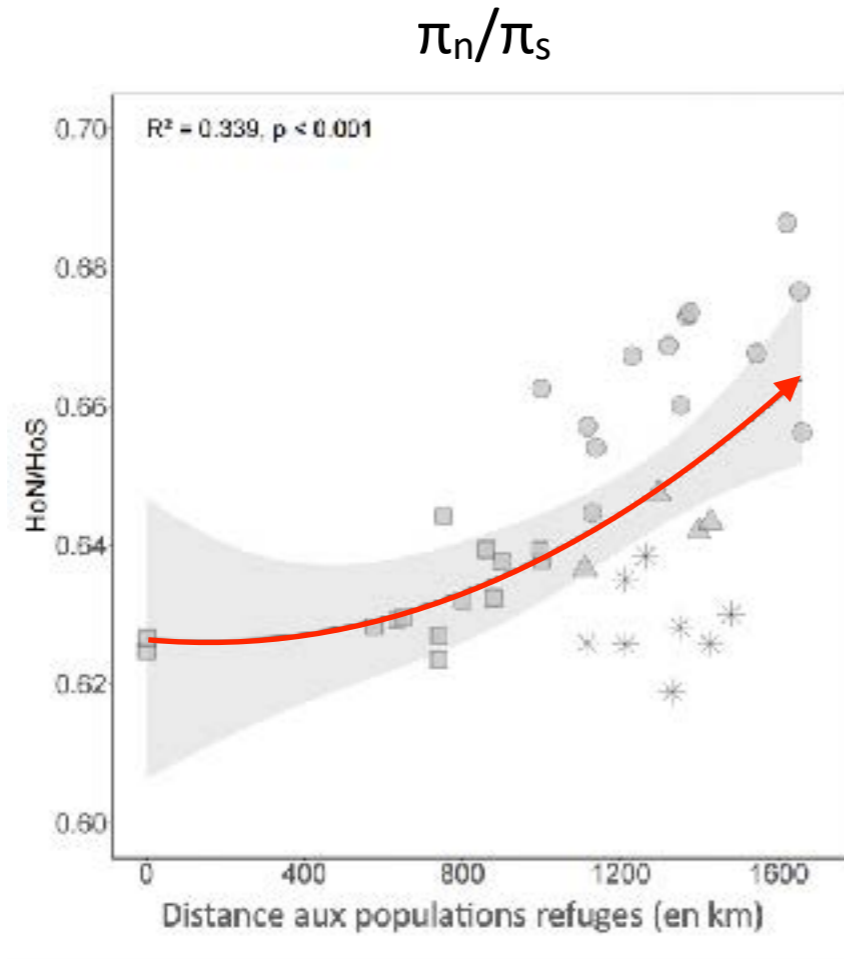


# Fardeau d'expansion de la processionnaire du pin

## Analyse fardeau de mutations



Tanguy



$\pi_n/\pi_s$  augmente avec l'expansion :  
Efficacité de la sélection diminue?

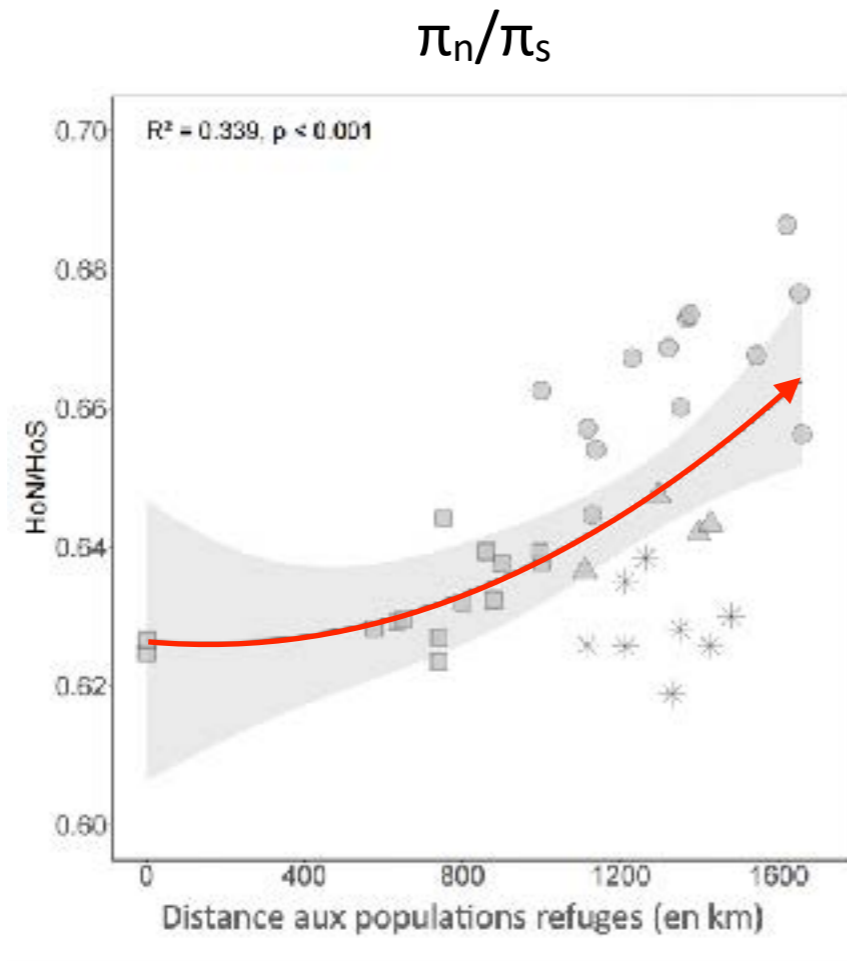


# Fardeau d'expansion de la processionnaire du pin

## Analyse fardeau de mutations

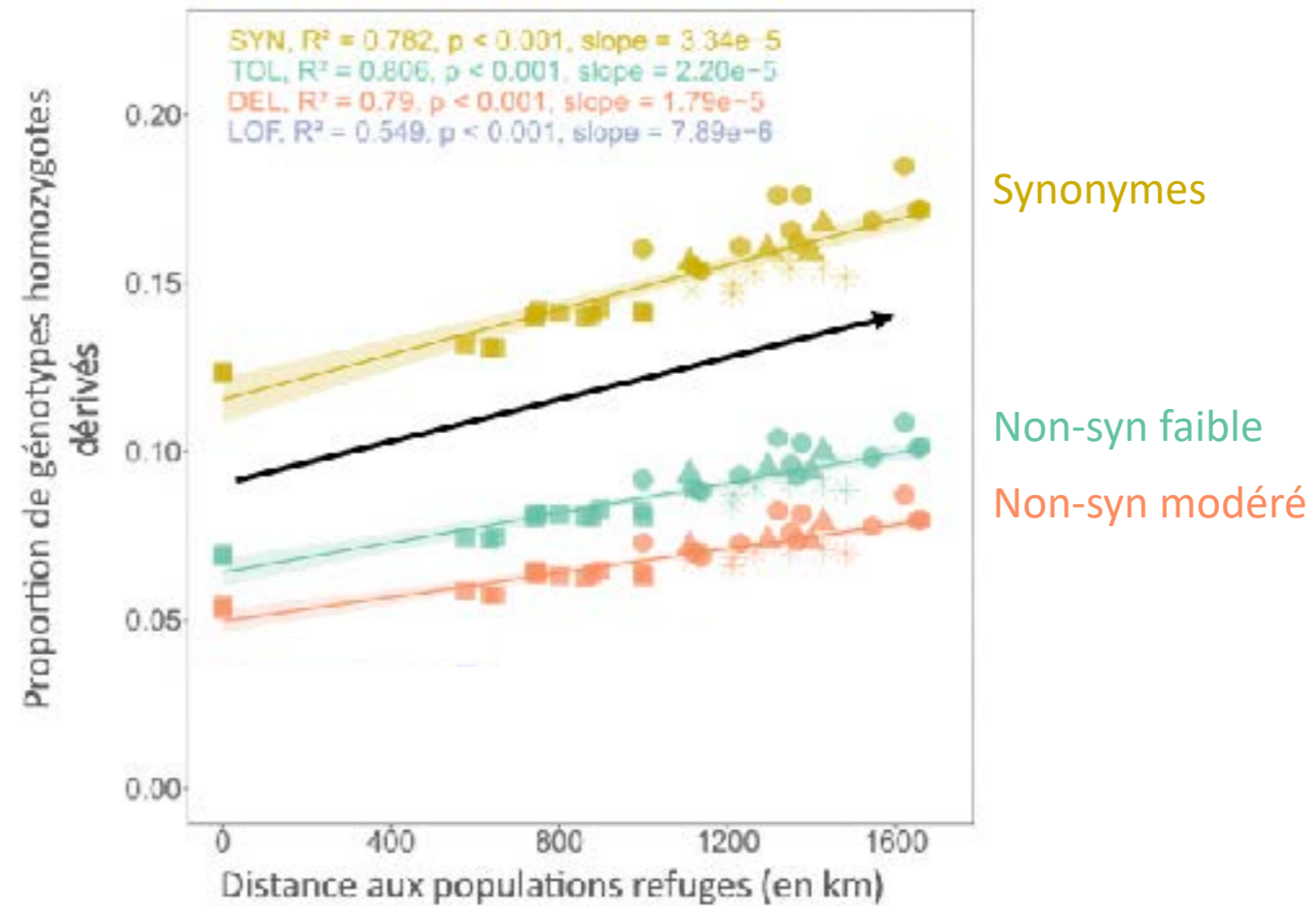


Tanguy



$\pi_n/\pi_s$  augmente avec l'expansion :  
Efficacité de la sélection diminue?

## %de genotypes homozygotes dérivés (aa)



Augmentation de la proportion de génotypes homozygotes dérivés le long de l'expansion, que ce soit pour des variants synonymes, non-synonymes ou stop

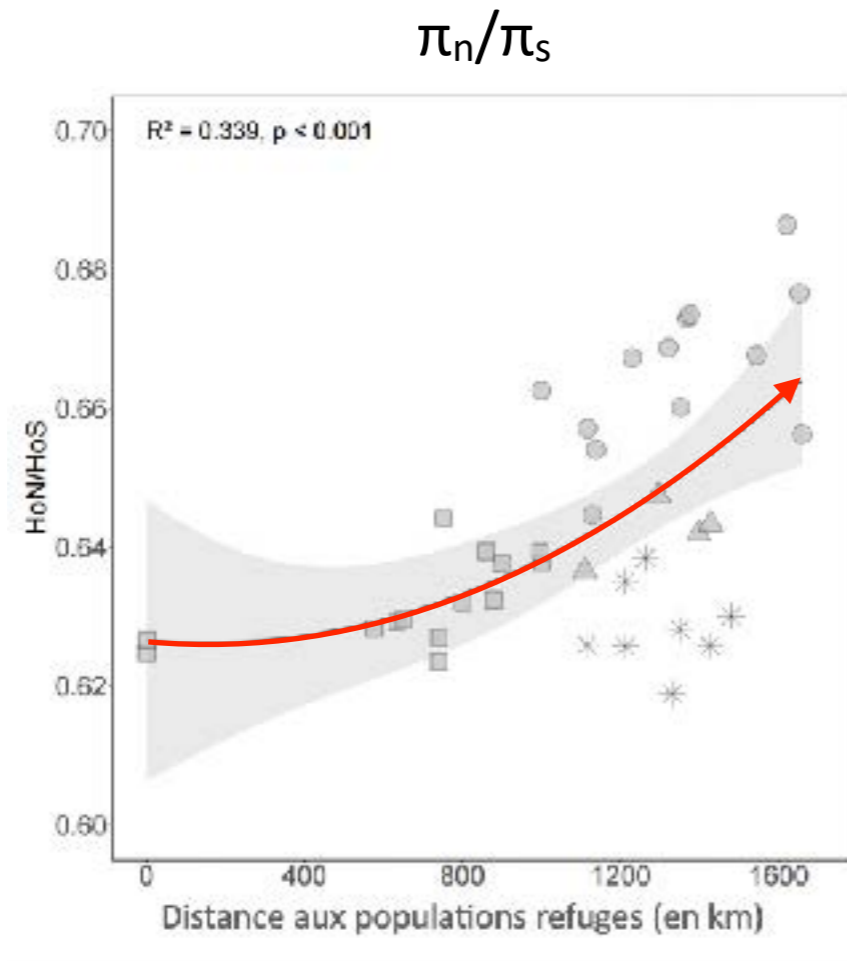


# Fardeau d'expansion de la processionnaire du pin

## Analyse fardeau de mutations

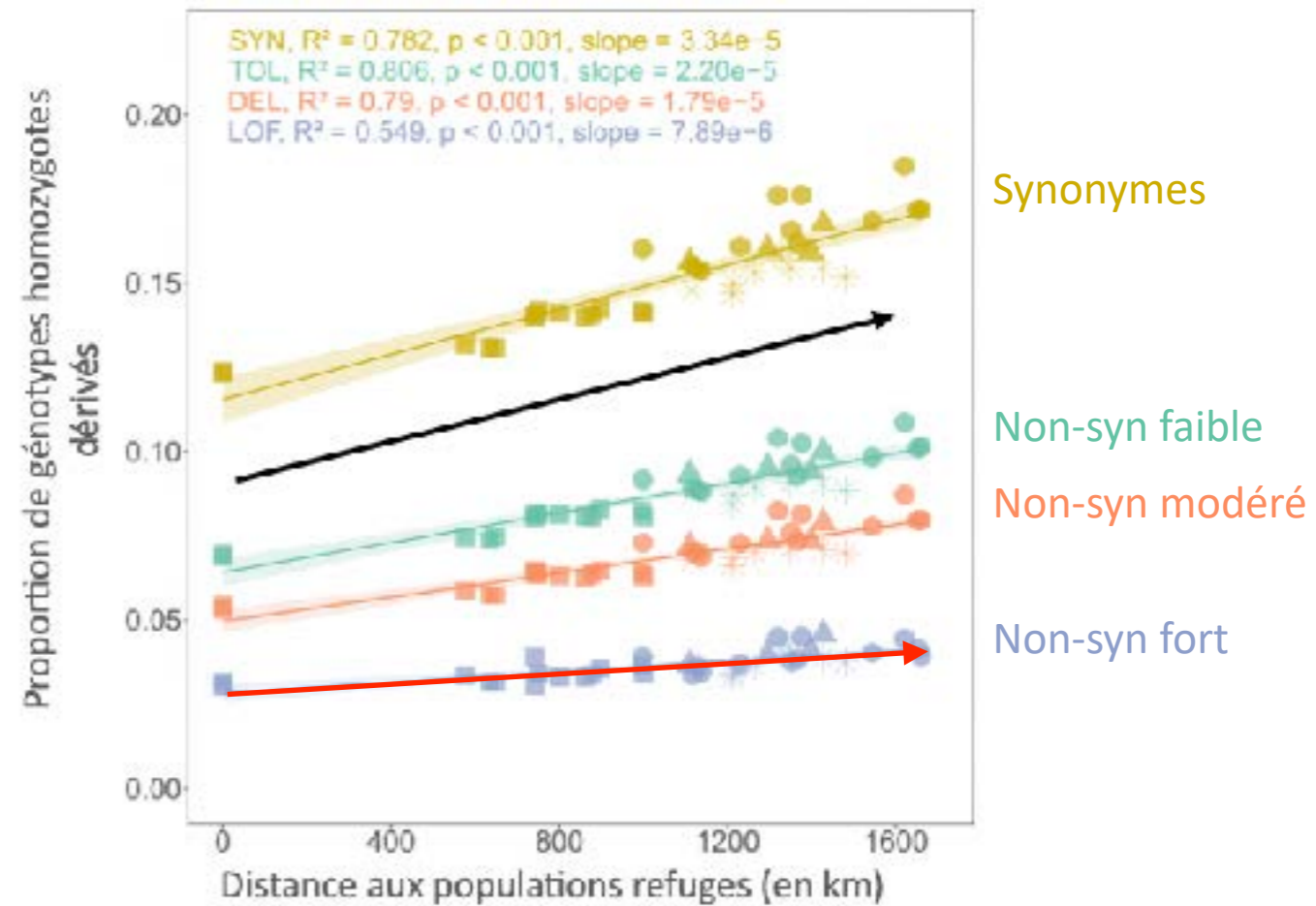


Tanguy



$\pi_n/\pi_s$  augmente avec l'expansion :  
Efficacité de la sélection diminue?

%de genotypes homozygotes dérivés (aa)



Augmentation de la proportion de génotypes homozygotes dérivés le long de l'expansion, que ce soit pour des variants synonymes, non-synonymes ou stop

...Mais, pente plus faible pour les mutations récessives de fortement délétère



# Fardeau d'expansion de la processionnaire du pin

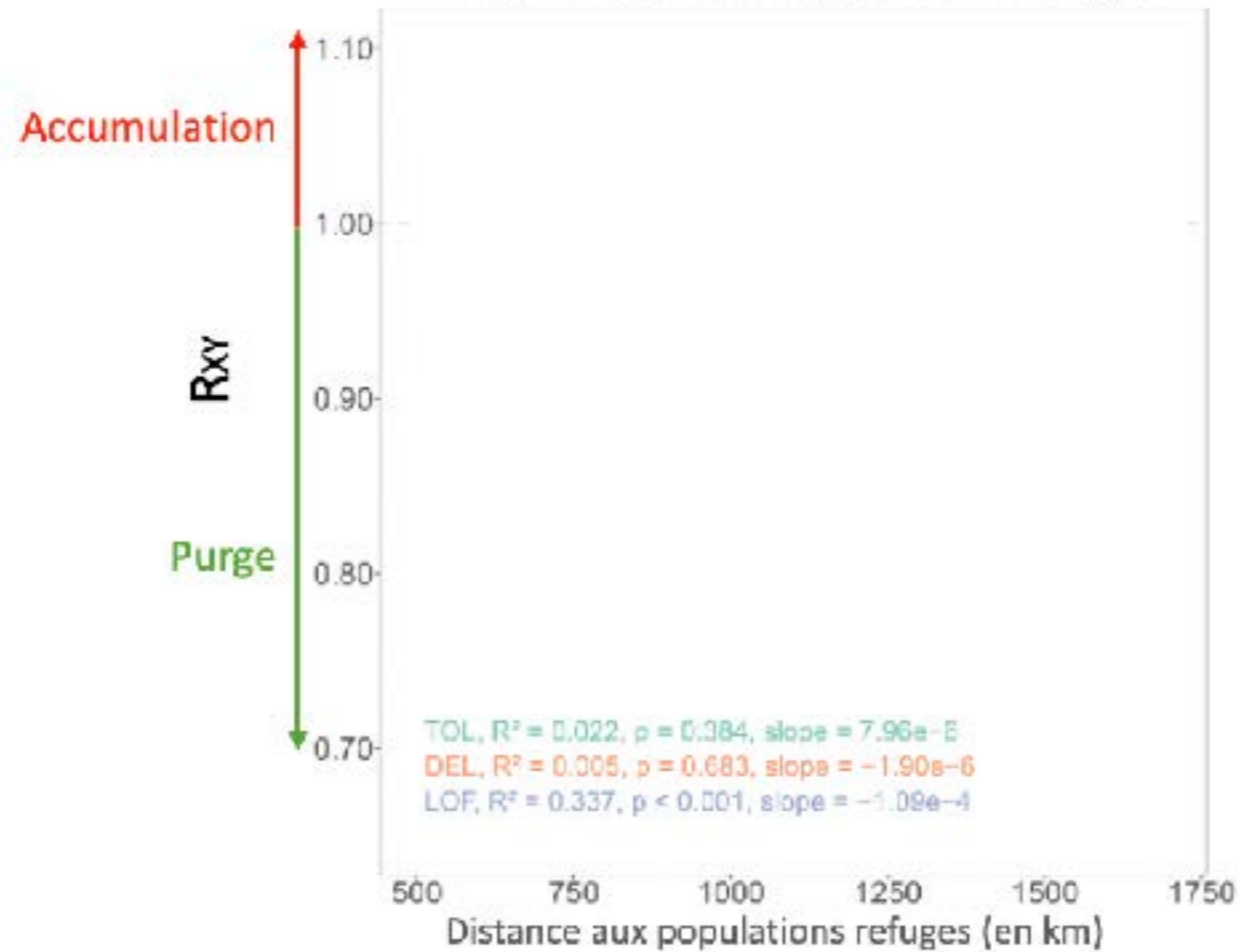
## Analyse de purge des mutations délétères



Tanguy

...mesure d'excès ou déficit des allèles dérivés délétères, dans les nouvelles populations, en normalisant par les variations observées aux SNPs synonymes

$$R_{X/Y} = \frac{\frac{\sum_{i \in C} p_i^X q_i^Y}{\sum_{j \in S} p_j^X q_j^Y}}{\frac{\sum_{i \in C} p_i^Y q_i^X}{\sum_{j \in S} p_j^Y q_j^X}}$$





# Fardeau d'expansion de la processionnaire du pin

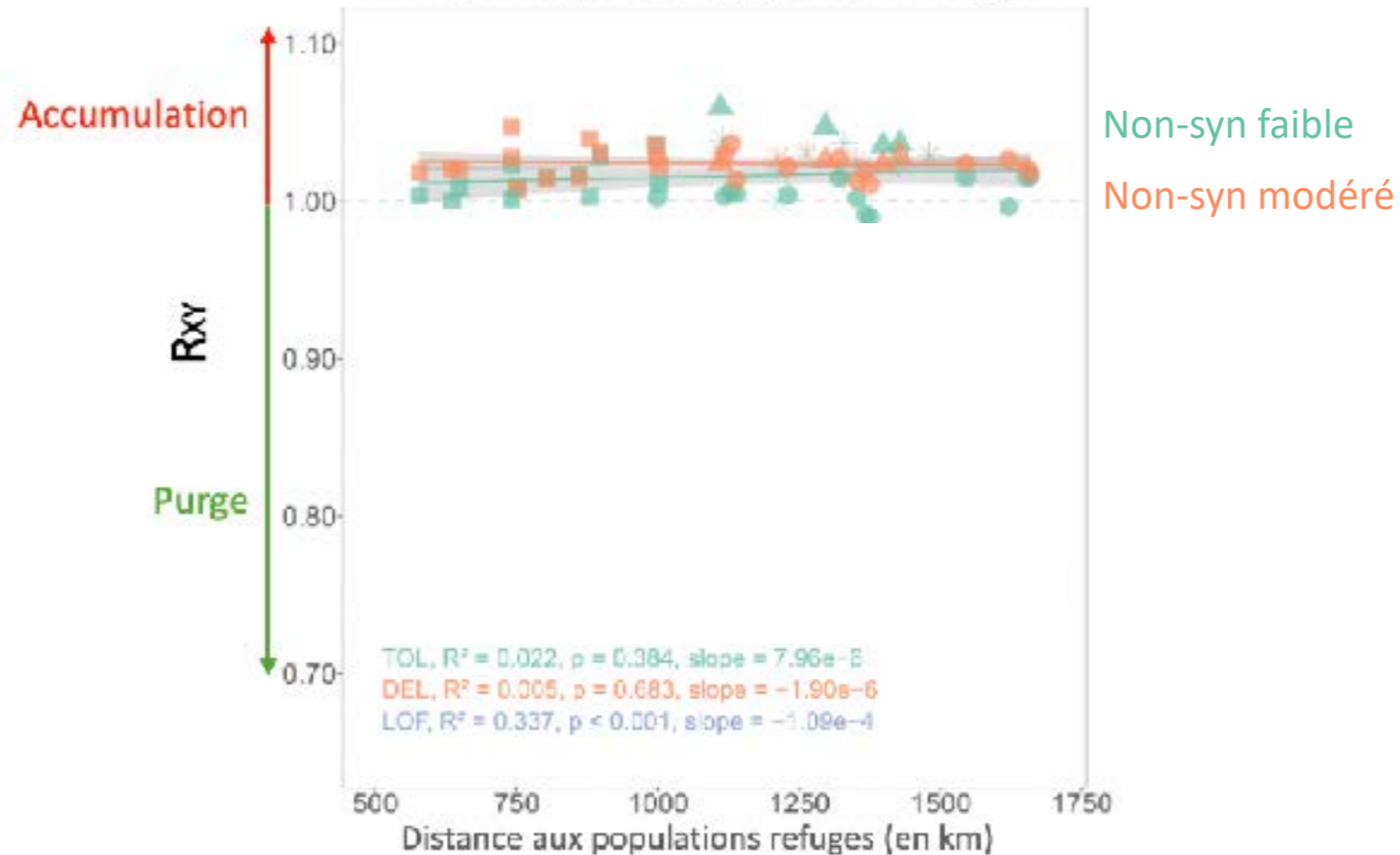
## Analyse de purge des mutations délétères



Tanguy

...mesure d'excès ou déficit des allèles dérivés délétères, dans les nouvelles populations, en normalisant par les variations observées aux SNPs synonymes

$$R_{X/Y} = \frac{\frac{\sum_{i \in C} p_i^X q_i^Y}{\sum_{j \in S} p_j^X q_j^Y}}{\frac{\sum_{i \in C} p_i^Y q_i^X}{\sum_{j \in S} p_j^Y q_j^X}}$$





# Fardeau d'expansion de la processionnaire du pin

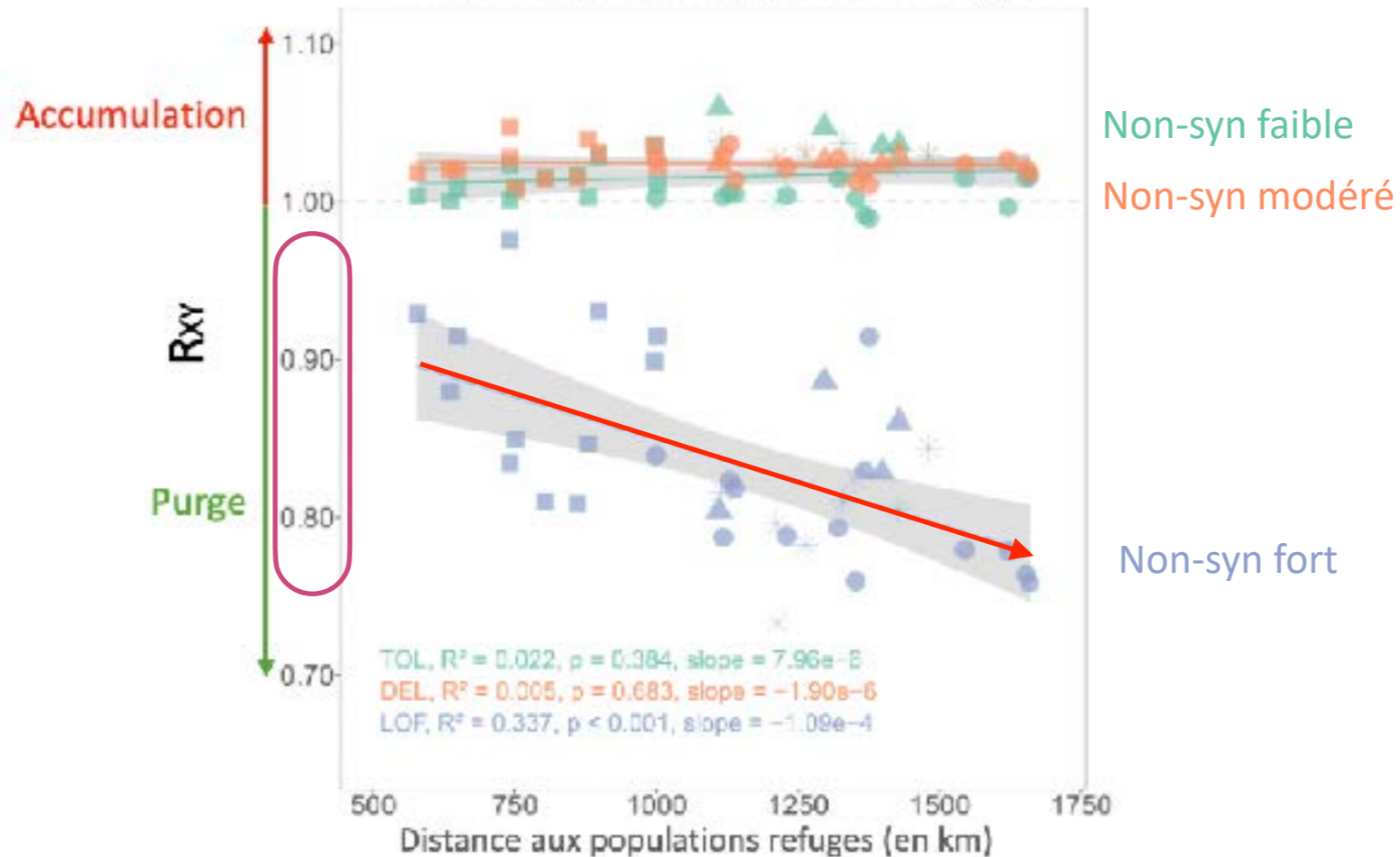
## Analyse de purge des mutations délétères



Tanguy

...mesure d'excès ou déficit des allèles dérivés délétères, dans les nouvelles populations, en normalisant par les variations observées aux SNPs synonymes

$$R_{X/Y} = \frac{\frac{\sum_{i \in C} p_i^X q_i^Y}{\sum_{j \in S} p_j^X q_j^Y}}{\frac{\sum_{i \in C} p_i^Y q_i^X}{\sum_{j \in S} p_j^Y q_j^X}}$$



- Rxy inférieur à 1 : **purge** ?

- Diminution du Rxy le long de l'expansion : **purge croissante avec consanguinité croissante** ?

-> mutations de fort effet sont **recessives**?



# Fardeau d'expansion de la processionnaire du pin

## *Perspectives*

Muller, Lombaert, Gautier, Sauné, Piry,  
Rousselet, Kerdelhué, Perrier.

In prep.

Genomic signatures of accumulation, purge  
and masking of the genetic load across the  
range expansion of a forest pest insect



# Fardeau d'expansion de la processionnaire du pin

## *Perspectives*

Affiner des analyses additionnelles

Histoire démographique d'expansion

Muller, Lombaert, Gautier, Sauné, Piry, Rousselet, Kerdelhué, Perrier.

In prep.

Genomic signatures of accumulation, purge and masking of the genetic load across the range expansion of a forest pest insect



# Fardeau d'expansion de la processionnaire du pin

## Perspectives

Affiner des analyses additionnelles

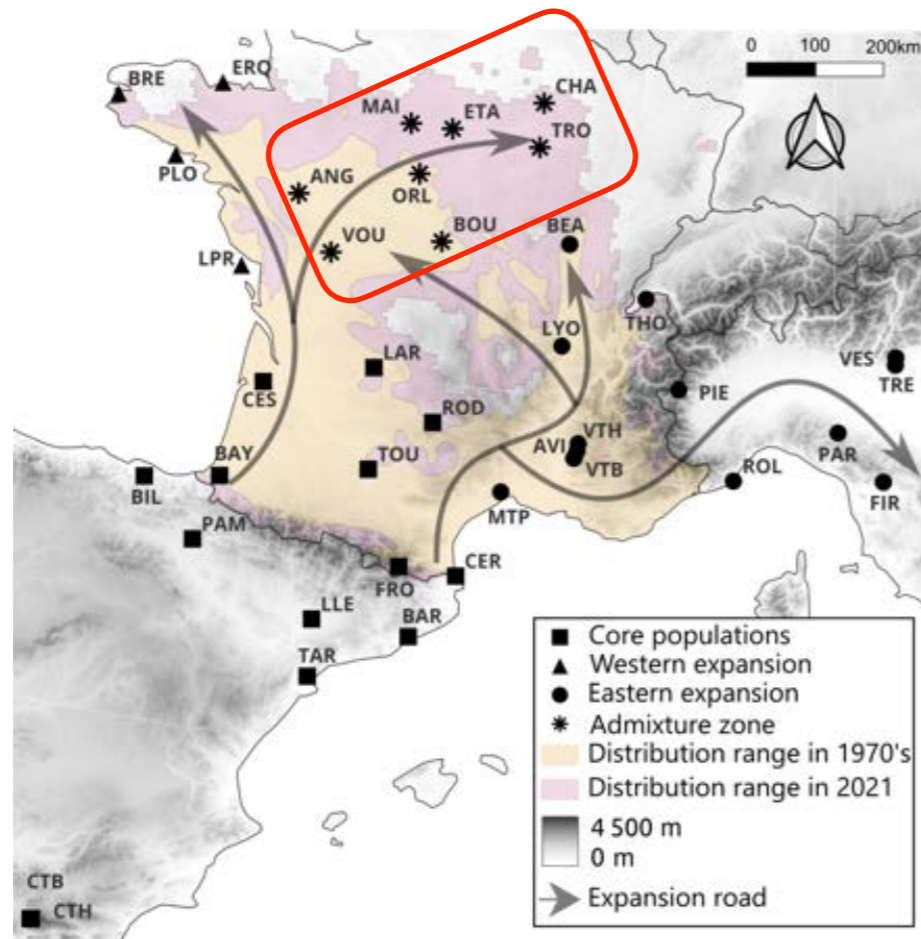
Histoire démographique d'expansion

« Masquage du fardeau » dans une zone de mélange de deux routes d'expansion ?

Muller, Lombaert, Gautier, Sauné, Piry, Rousselet, Kerdelhué, Perrier.

In prep.

Genomic signatures of accumulation, purge and masking of the genetic load across the range expansion of a forest pest insect





# Fardeau d'expansion de la processionnaire du pin

## Perspectives

Affiner des analyses additionnelles

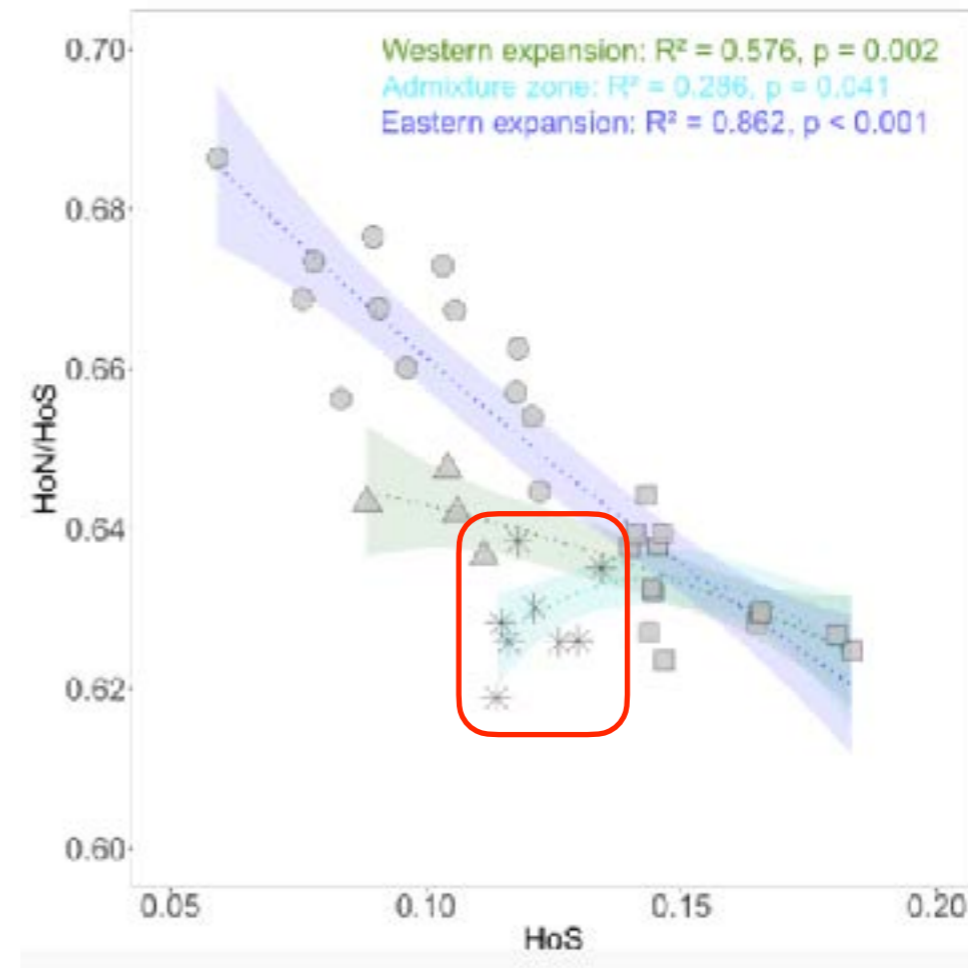
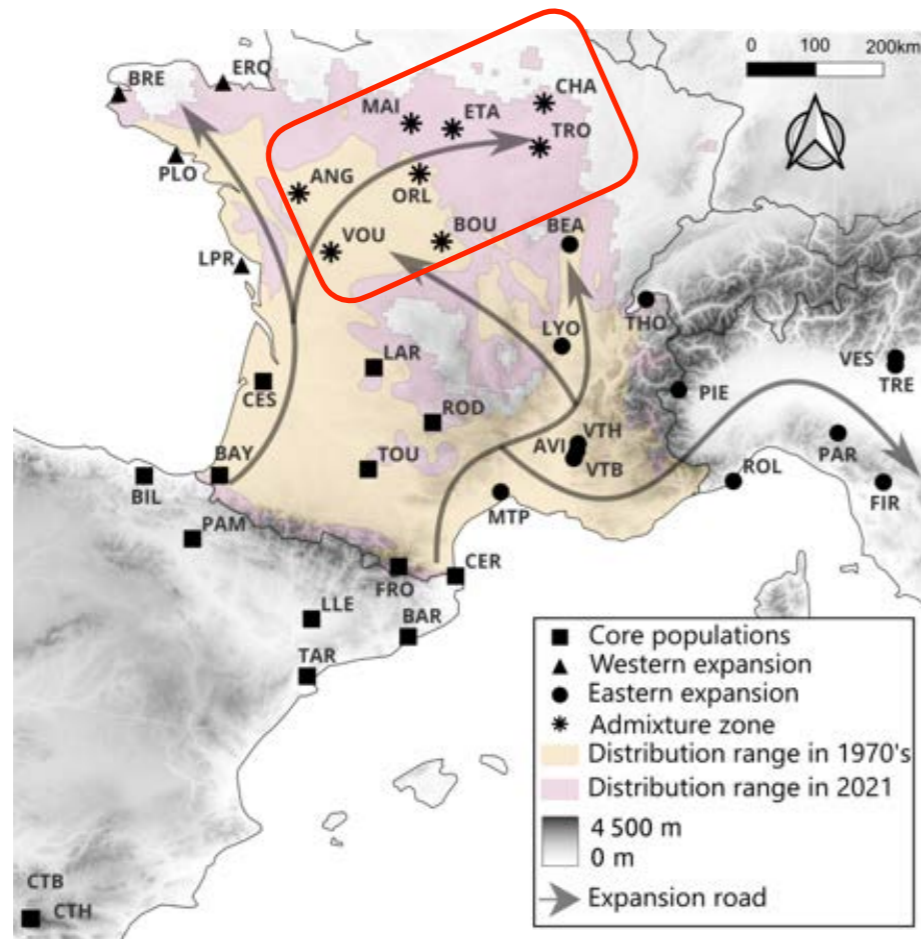
Histoire démographique d'expansion

« Masquage du fardeau » dans une zone de mélange de deux routes d'expansion ?

Muller, Lombaert, Gautier, Sauné, Piry, Rousselet, Kerdelhué, Perrier.

In prep.

Genomic signatures of accumulation, purge and masking of the genetic load across the range expansion of a forest pest insect



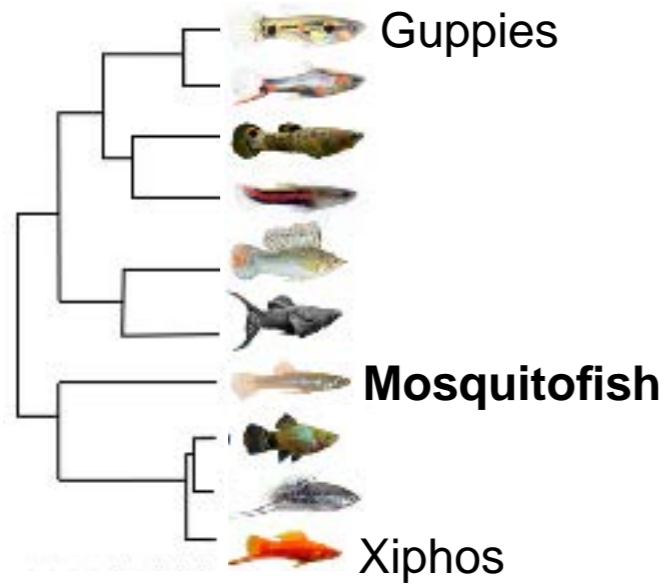
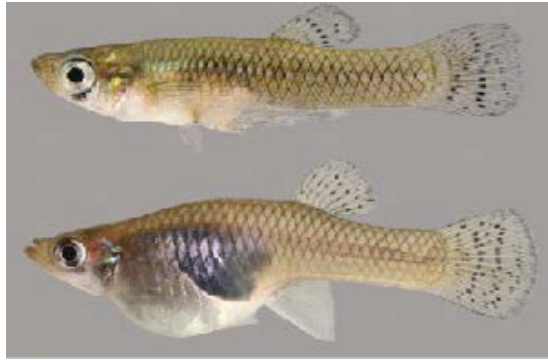


# Fardeau d'invasion de la gambusie



# Fardeau d'invasion de la gambusie

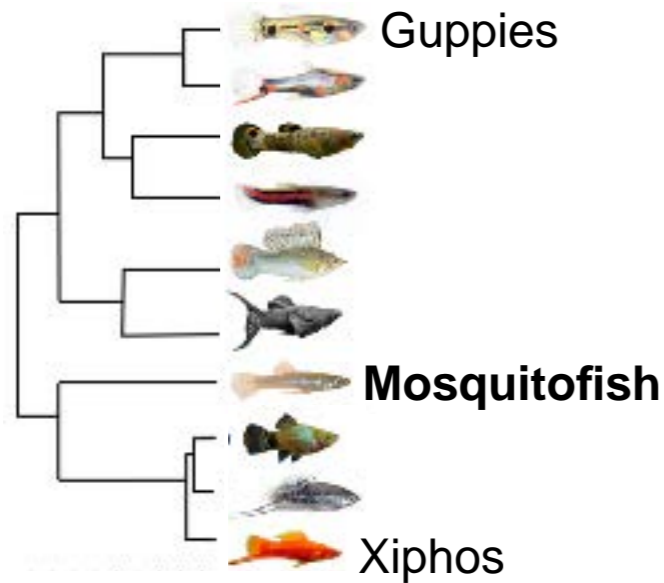
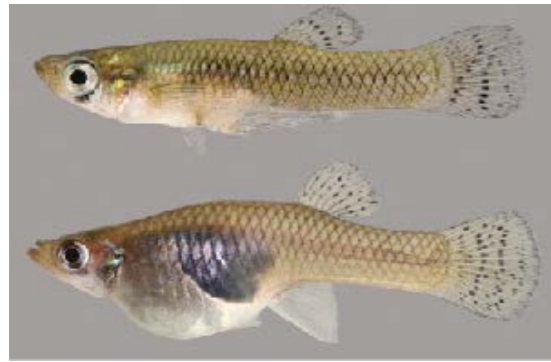
*Gambusia holbrooki* - Eastern mosquitofish



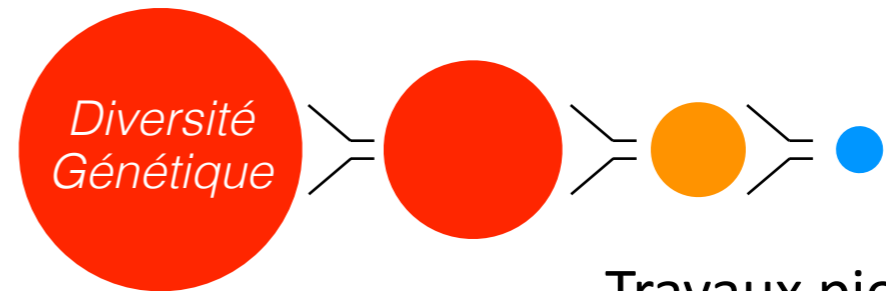
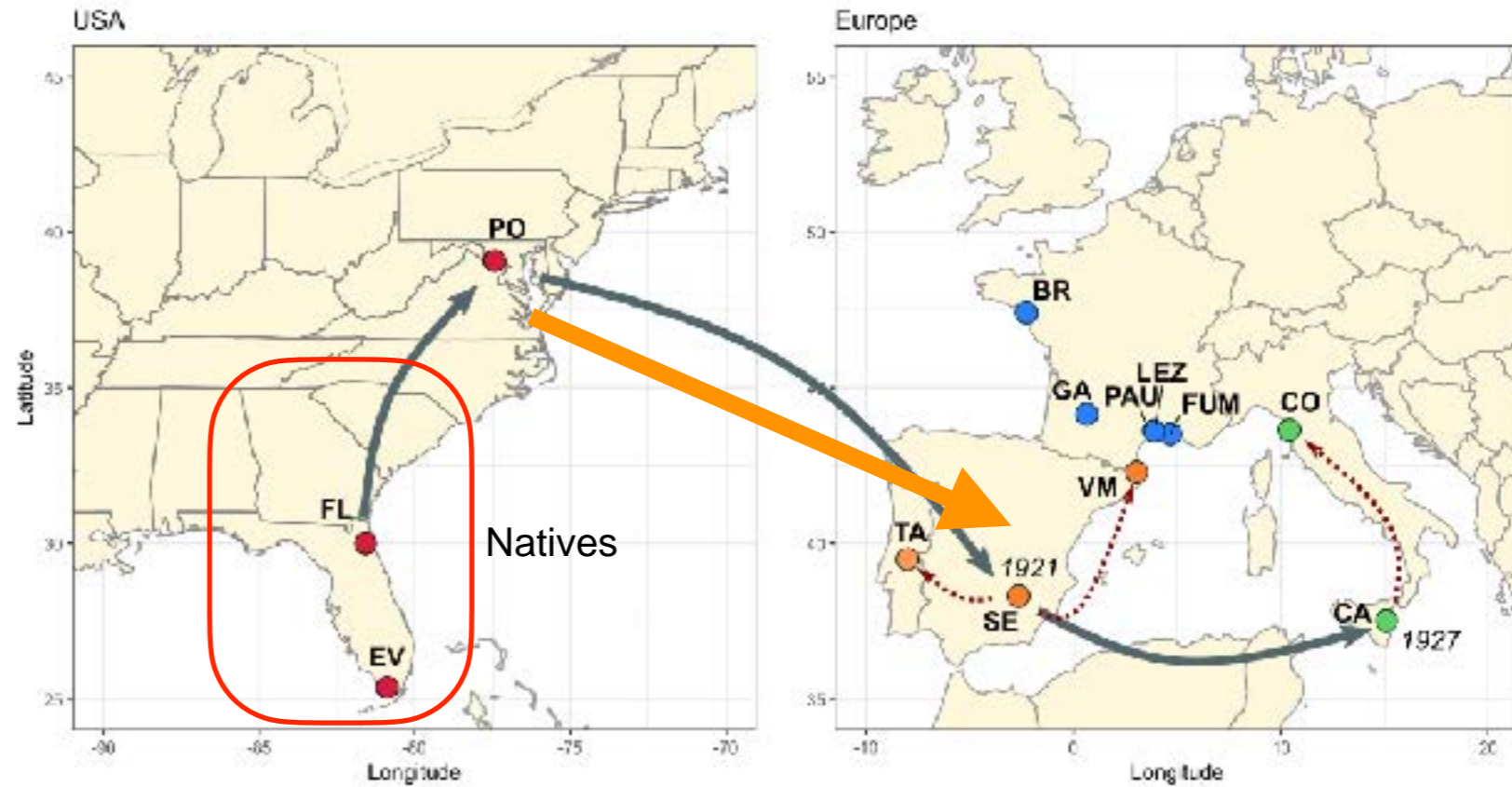


# Fardeau d'invasion de la gambusie

*Gambusia holbrooki* - Eastern mosquitofish



*Histoire d'invasion aux US et en Europe (et ailleurs)*

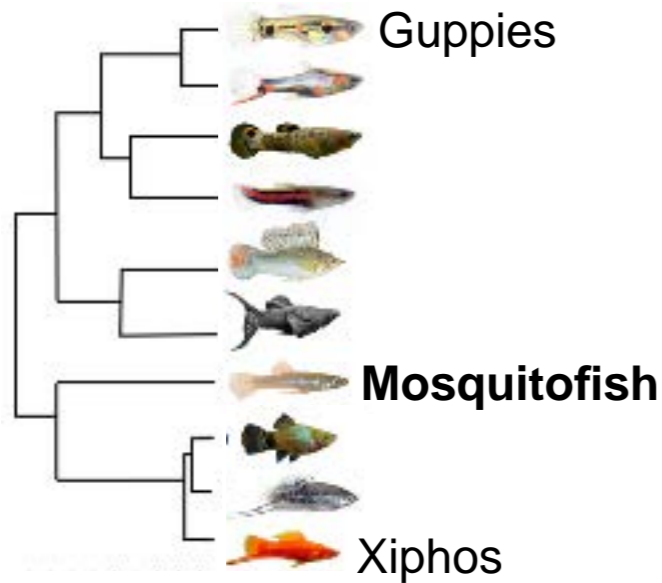
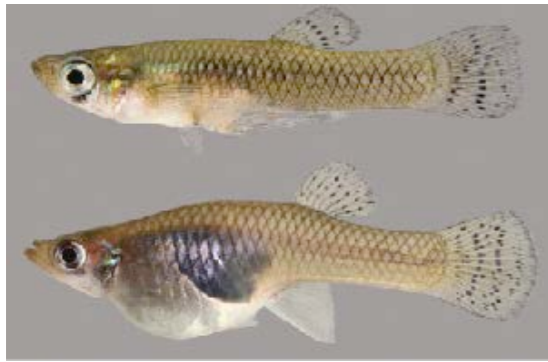


Travaux pionniers  
 Genes mito  
 Microsat  
 SNPs RADseq  
 SNPs RRBS

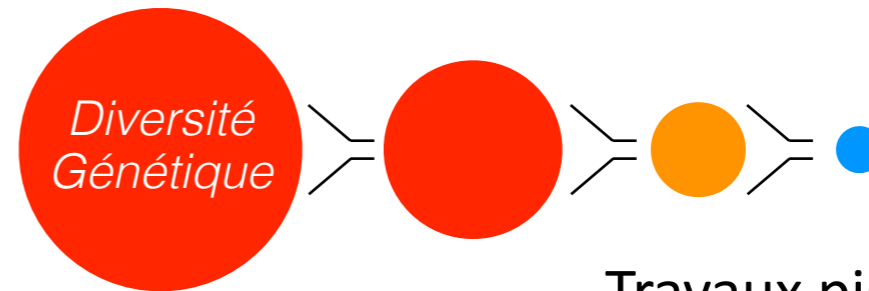
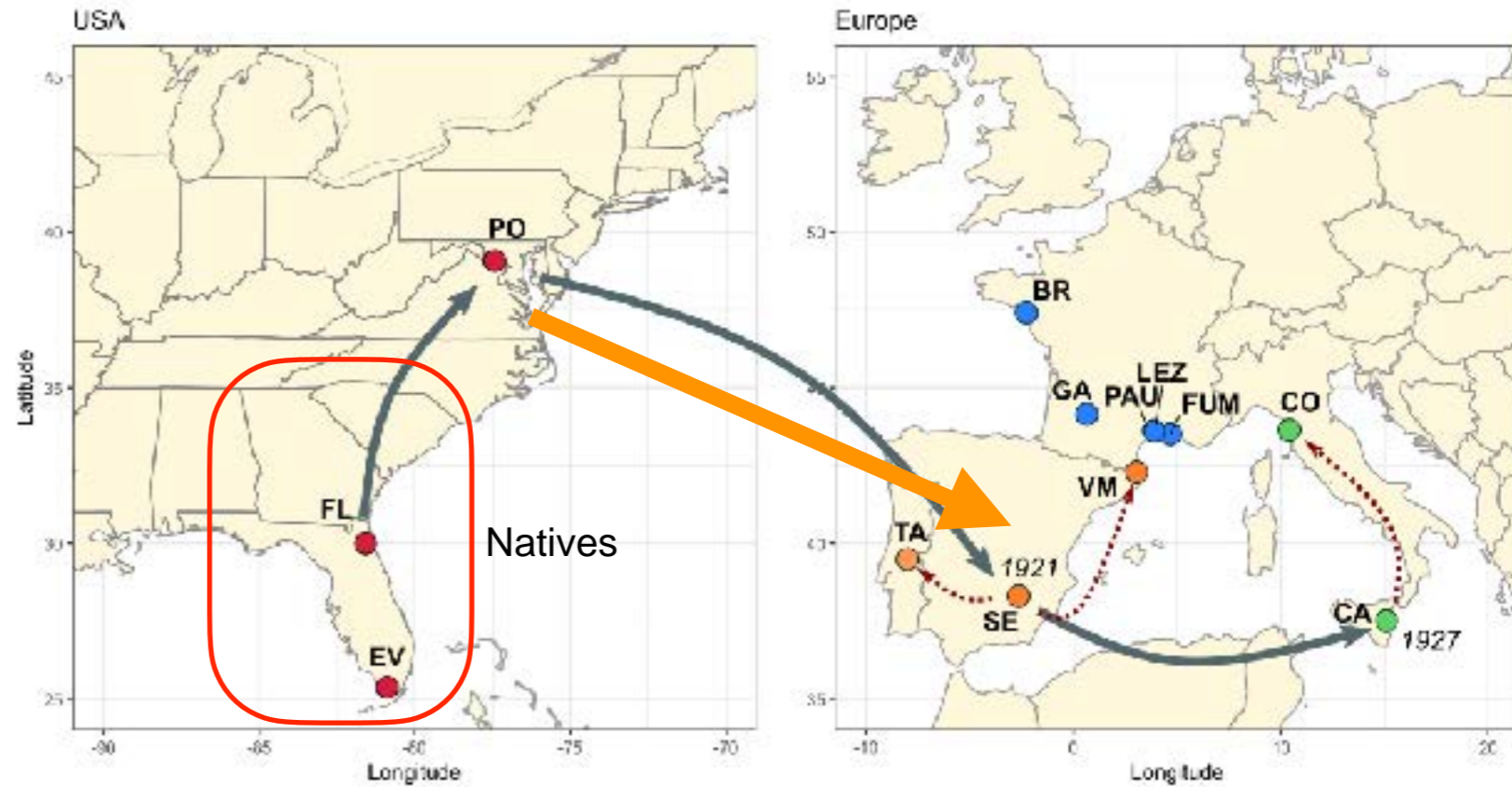


# Fardeau d'invasion de la gambusie

*Gambusia holbrooki* - Eastern mosquitofish



*Histoire d'invasion aux US et en Europe (et ailleurs)*



## Questions

Durant l'invasion,

Diminution  $\pi$  &  $N_e$  ?

Augmentation  $F$ ,  $\pi_n/\pi_s$ , fardeau réalisé ?

Purge des variants très délétères ?

Travaux pionniers

Genes mito

Microsat

SNPs RADseq

SNPs RRBS



# Fardeau d'invasion de la gambusie

## Collaboration

CBGP : A Estoup, A Loiseau, A Fraimout

MARBEC : E Farcy, C Reisser

Espagne : JL Garcia Marin

## Financements

BiodivOc GambOc

ANR POLADAPT

Coordination E Farcy

Coordination WPs génomique au CBGP





# Fardeau d'invasion de la gambusie

## Collaboration

CBGP : A Estoup, A Loiseau, A Fraimout

MARBEC : E Farcy, C Reisser

Espagne : JL Garcia Marin

## Financements

BiodivOc GambOc

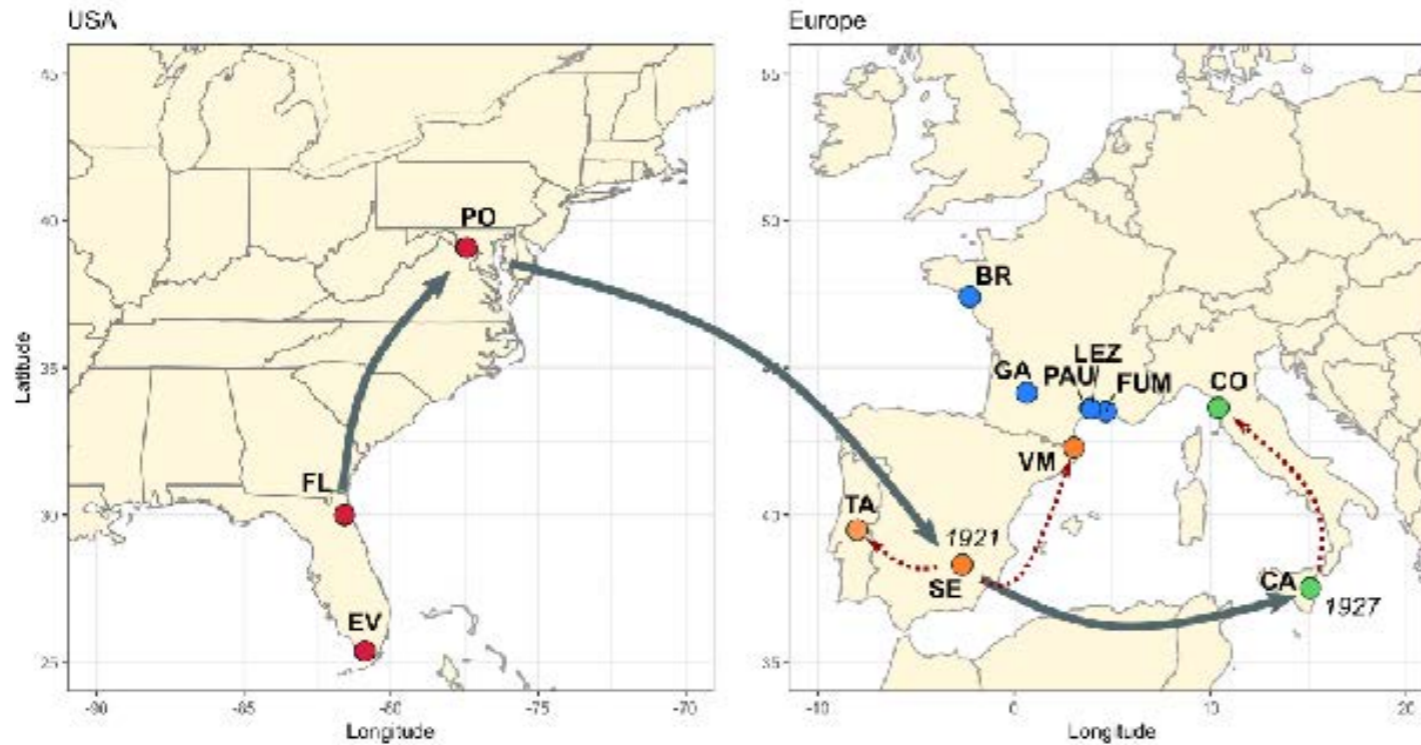
ANR POLADAPT

Coordination E Farcy

Coordination WPs génomique au CBGP



## Échantillons et séquençage



13 pop G holbrooki  
+ 3 pop G affinis

14 indSeq + 1 poolSeq

~15M SNPs

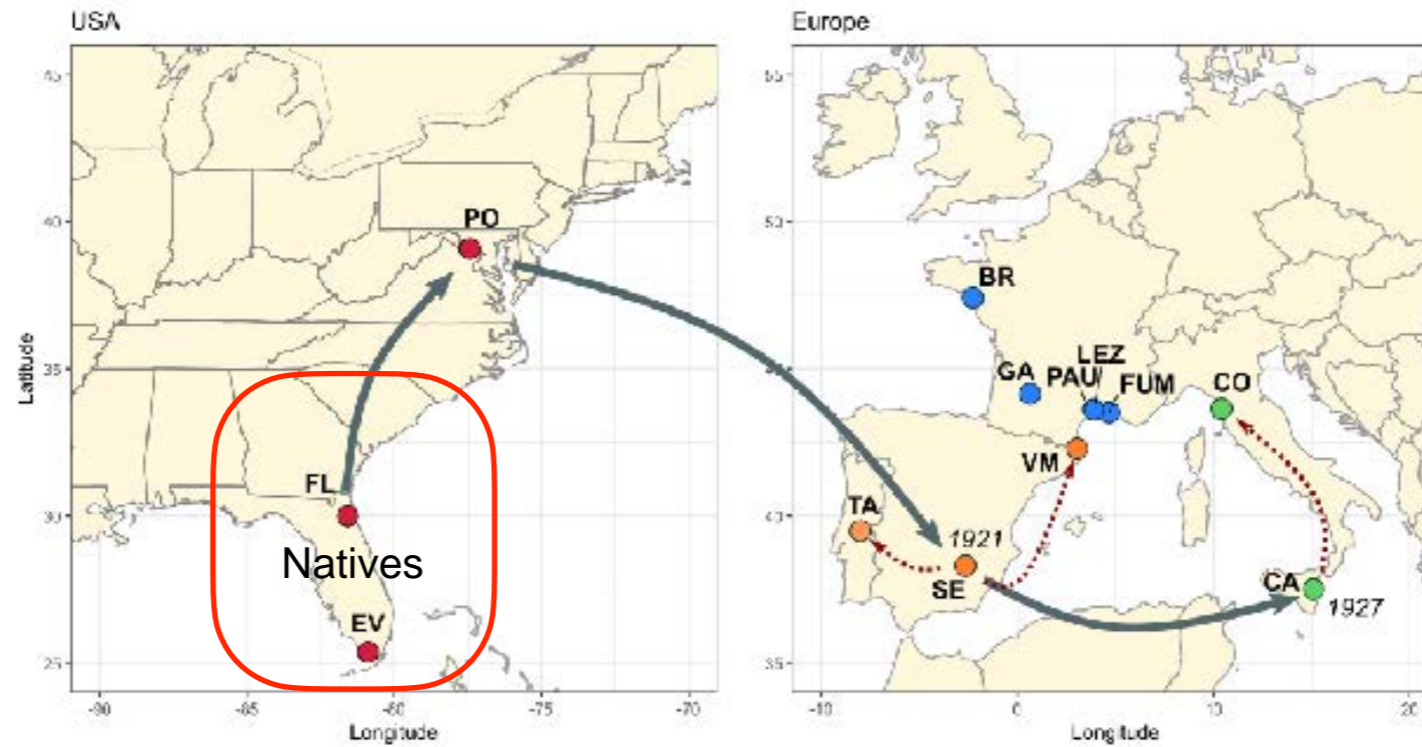


# Fardeau d'invasion de la gambusie

## Résultats : histoire démographique



Antoine



## Consanguinité

% du  
génom  
dans des  
HBD

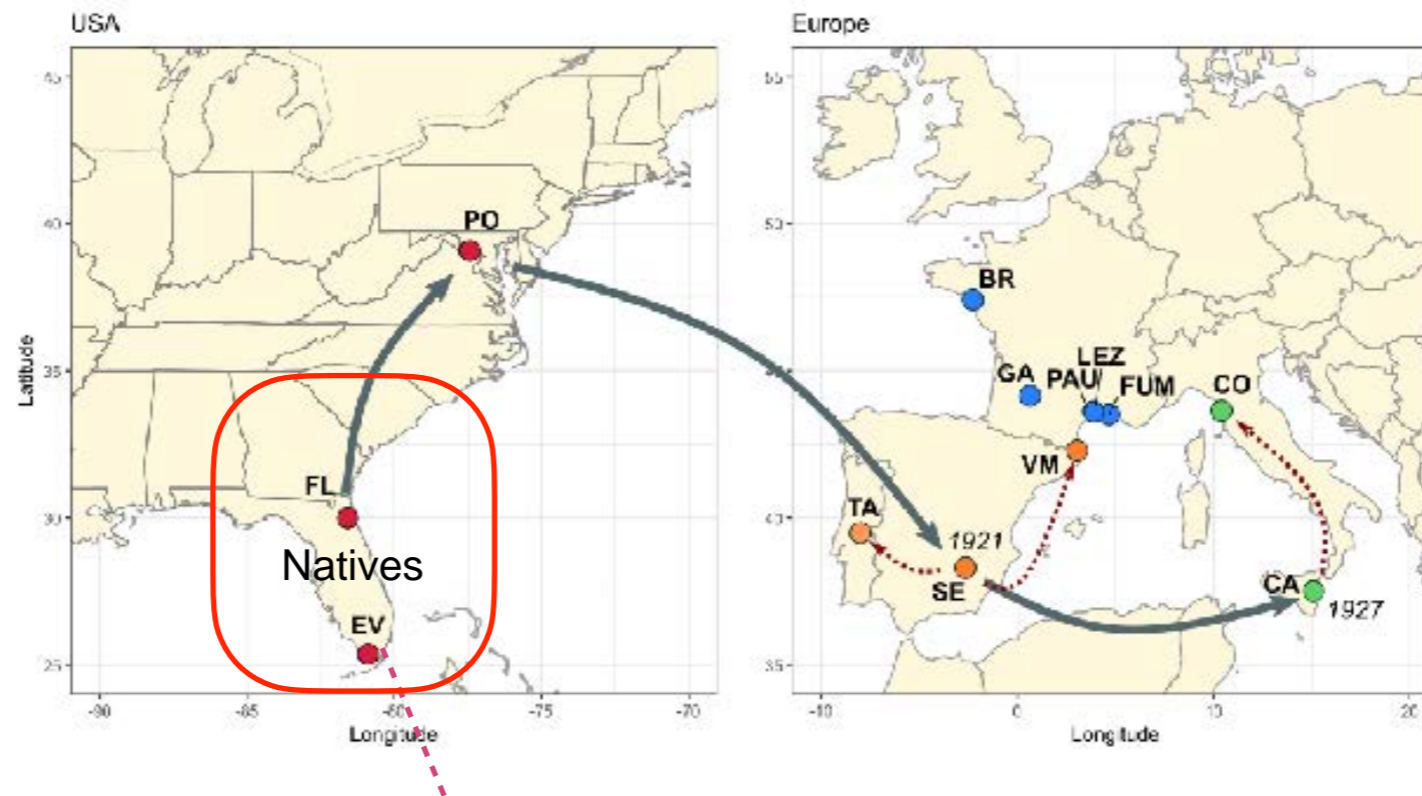


# Fardeau d'invasion de la gambusie

## Résultats : histoire démographique

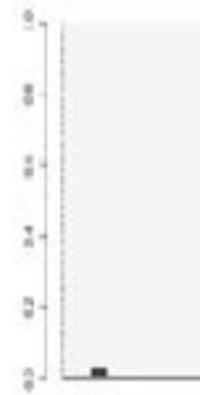


Antoine



Consanguinité  $\sim 1\%$

% du génome dans des HBD



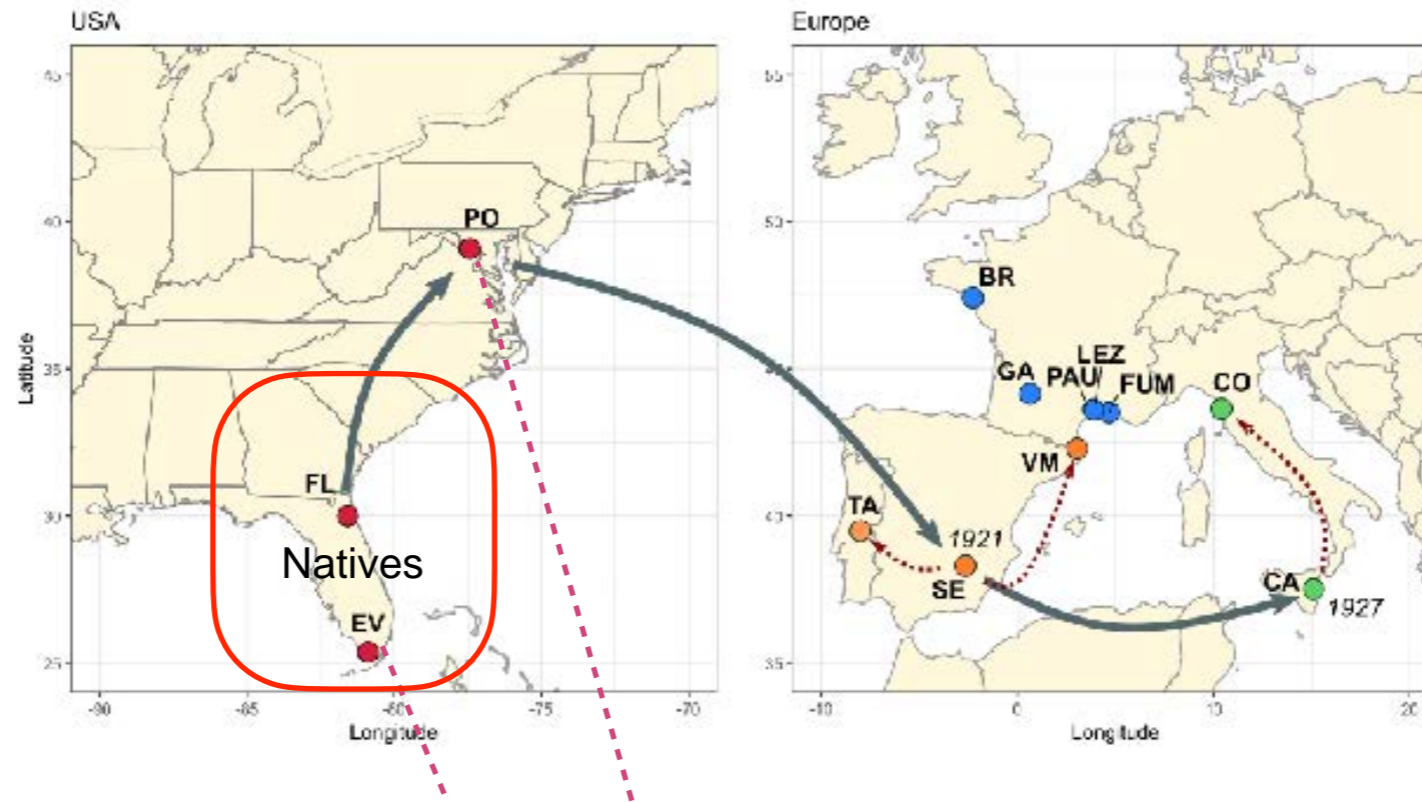


# Fardeau d'invasion de la gambusie

## Résultats : histoire démographique



Antoine

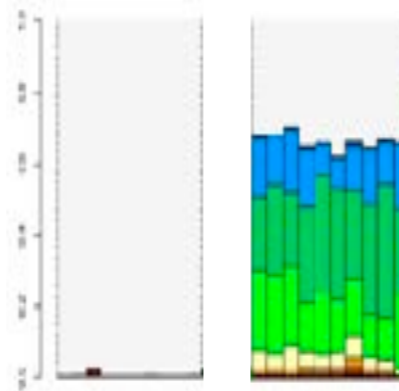


Consanguinité

~1%

~70%

% du génome dans des HBD



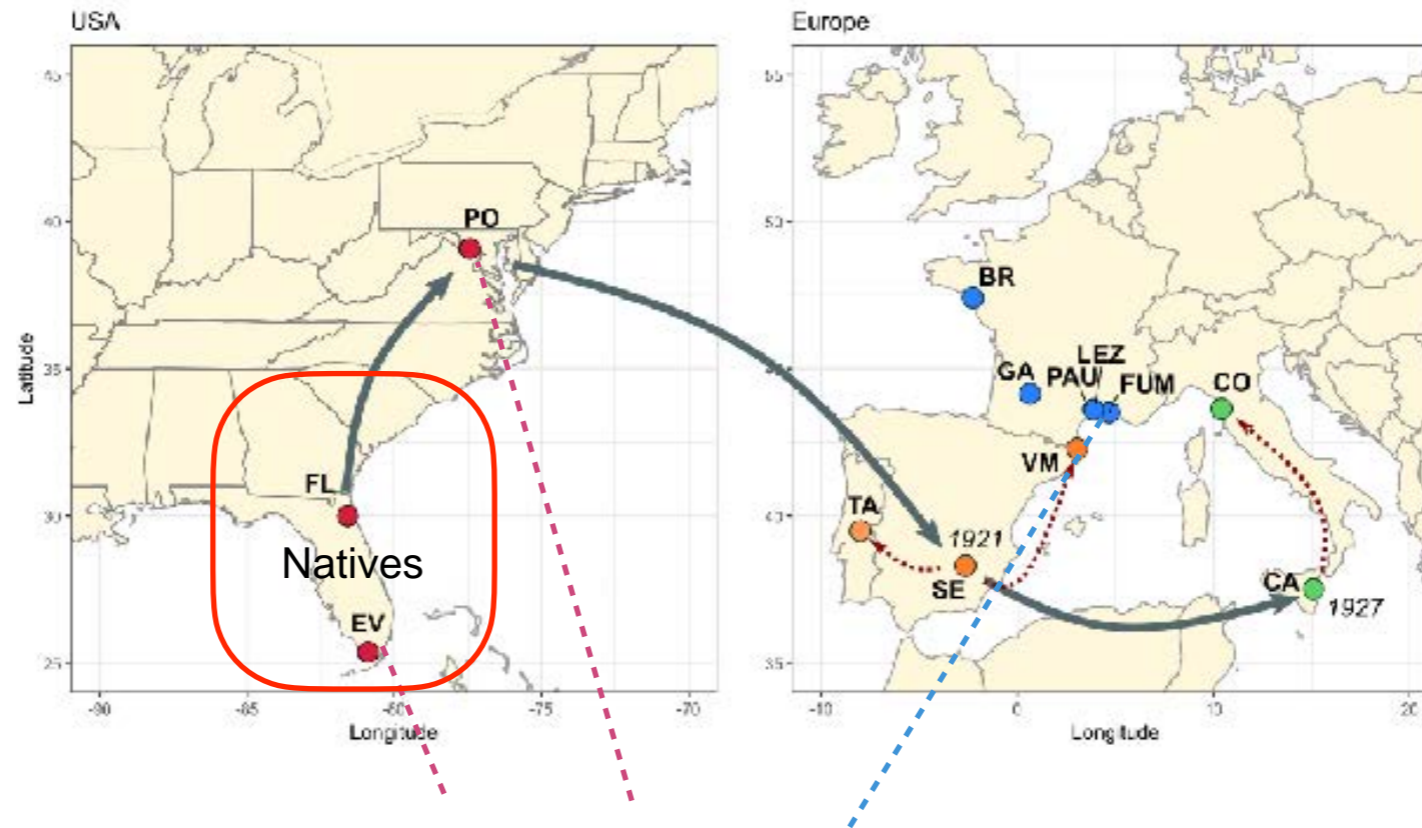


# Fardeau d'invasion de la gambusie

## Résultats : histoire démographique



Antoine



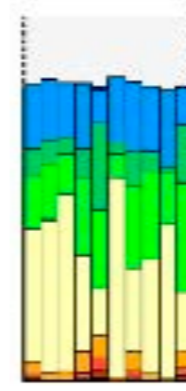
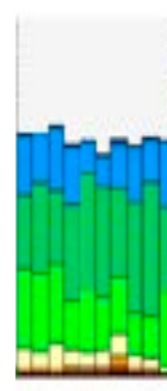
Consanguinité

~1%

~70%

~80%

% du génome dans des HBD



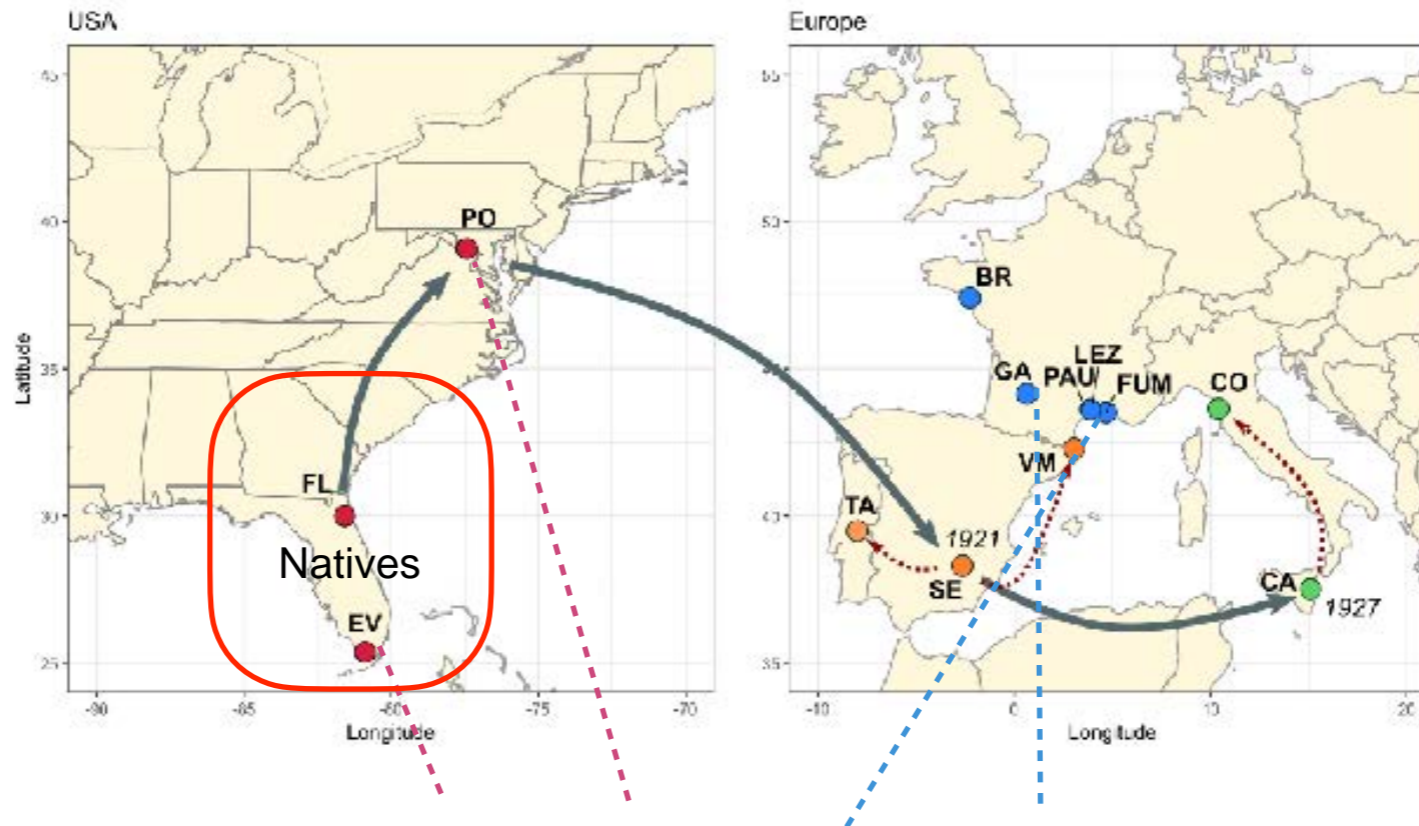


# Fardeau d'invasion de la gambusie

## Résultats : histoire démographique



Antoine



Consanguinité

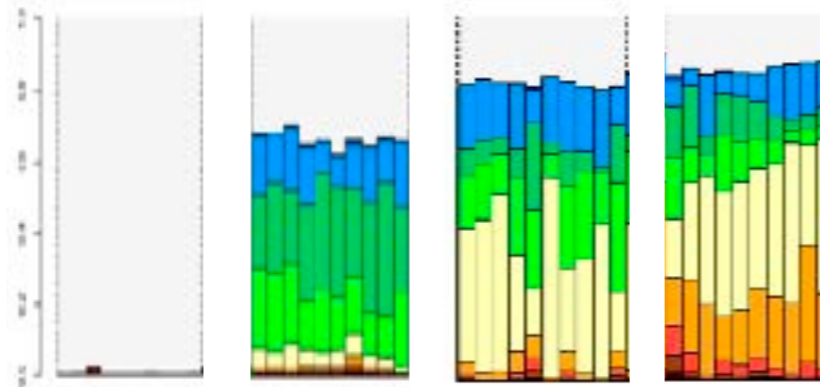
~1%

~70%

~80%

~85%

% du génome dans des HBD



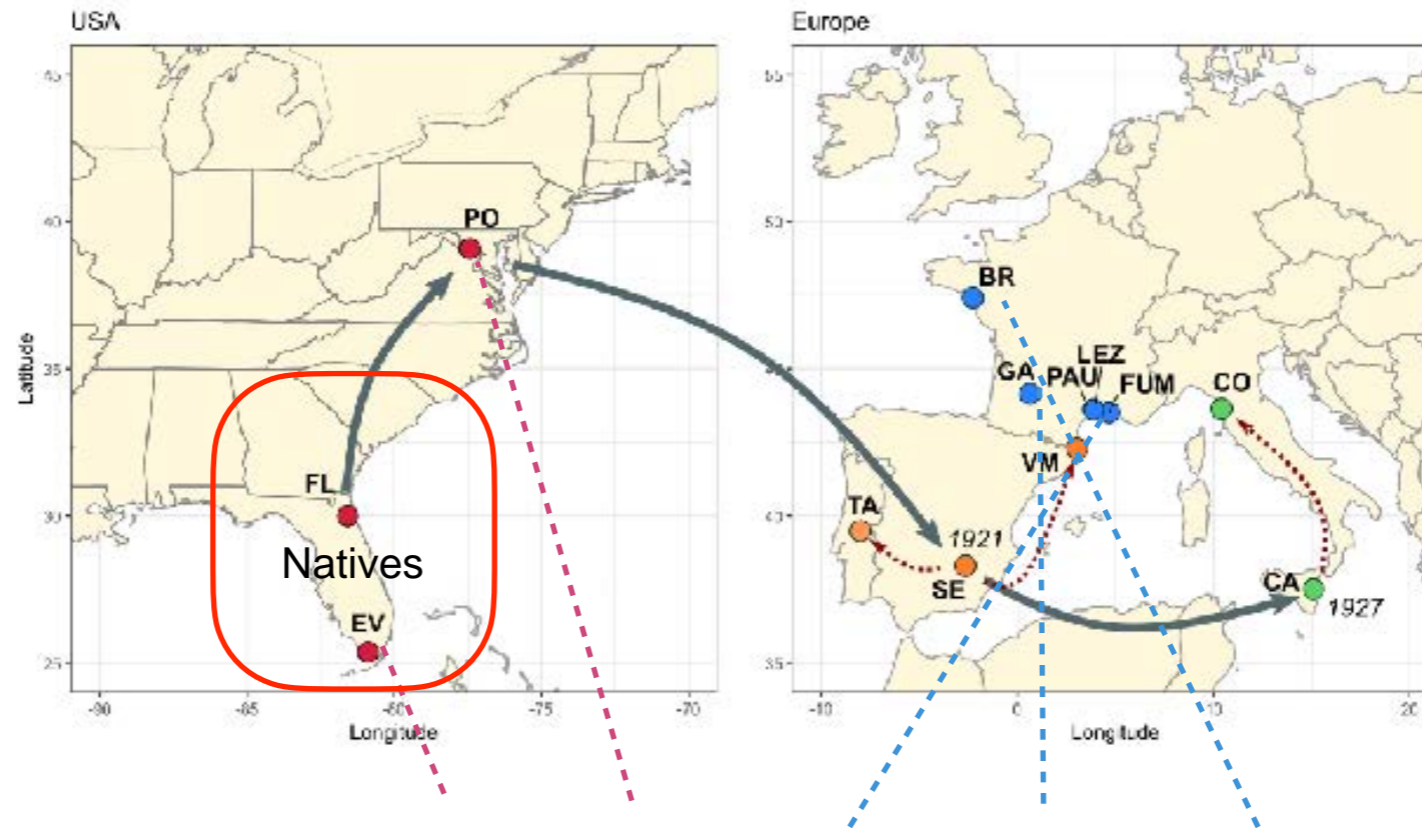


# Fardeau d'invasion de la gambusie

## Résultats : histoire démographique



Antoine



Consanguinité

~1%

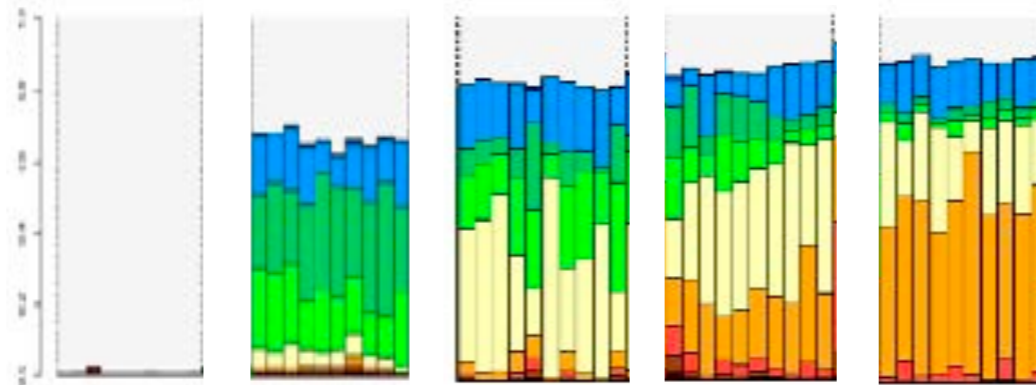
~70%

~80%

~85%

~90%

% du génome dans des HBD



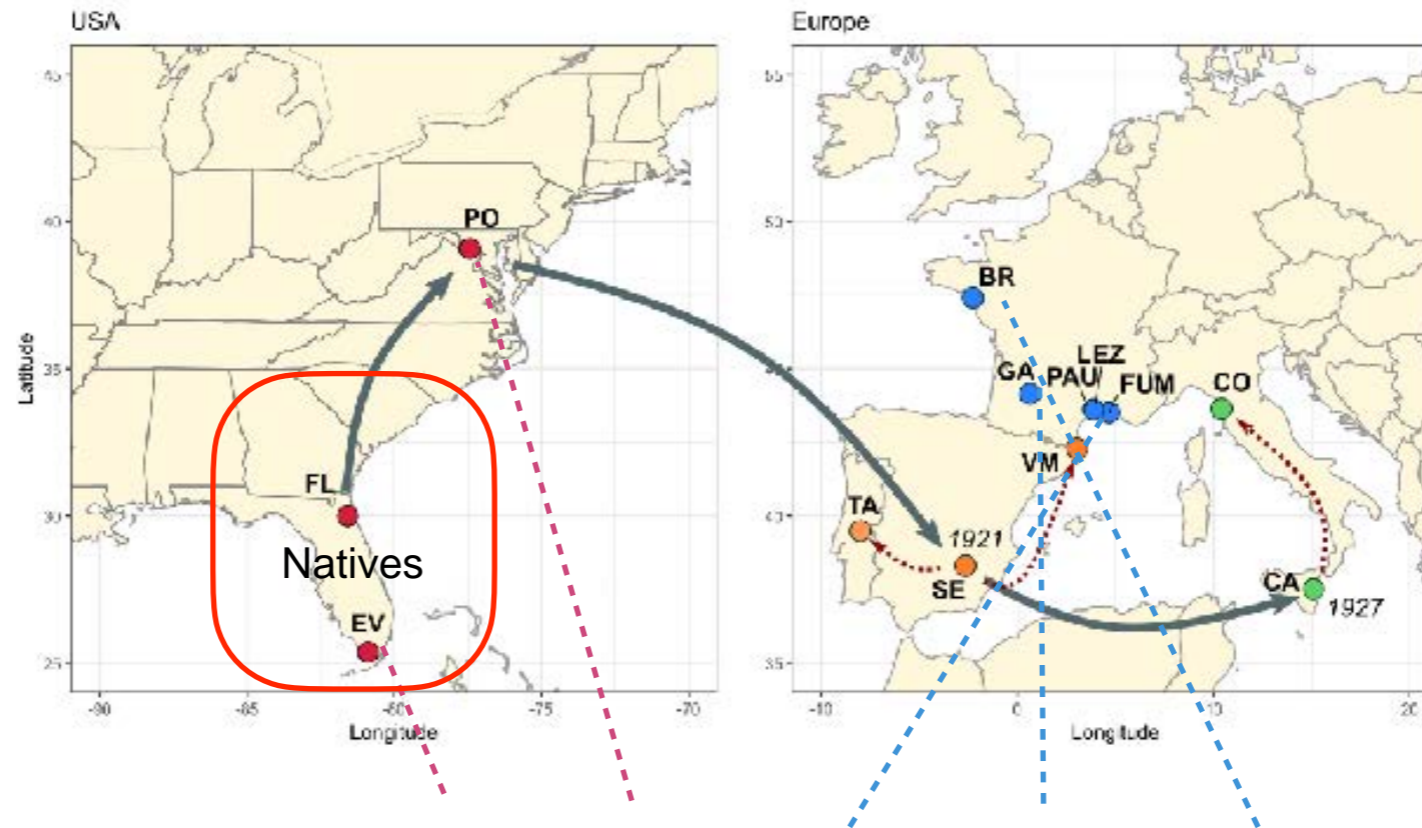


# Fardeau d'invasion de la gambusie

## Résultats : histoire démographique



Antoine



Consanguinité

~1%

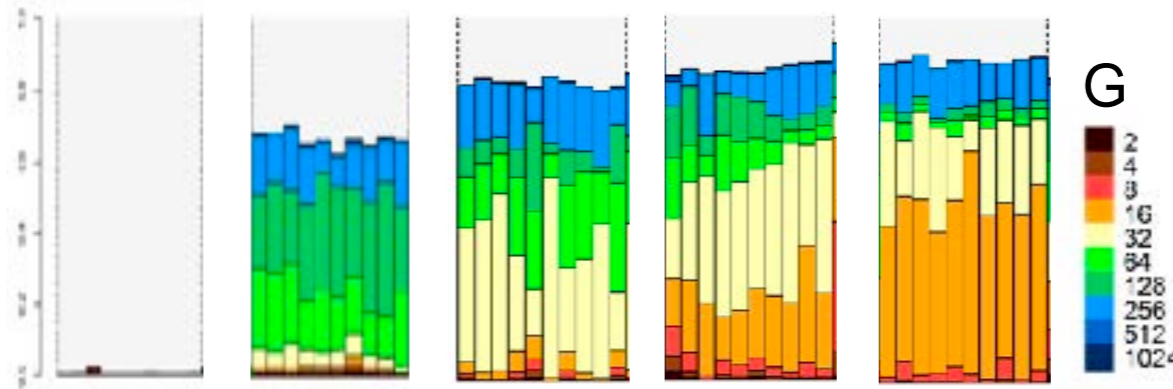
~70%

~80%

~85%

~90%

% du génome dans des HBD





# Fardeau d'invasion de la gambusie

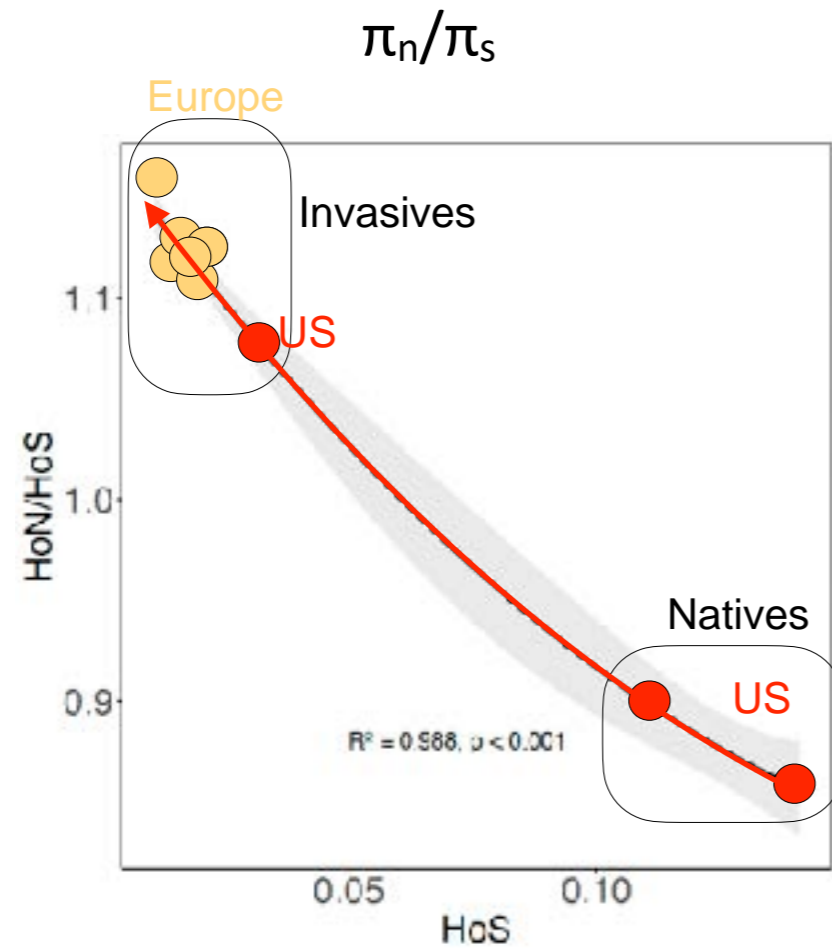
Résultats : fardeau génétique



Antoine



Tanguy



Réduction d'efficacité de sélection lors de l'invasion?



# Fardeau d'invasion de la gambusie

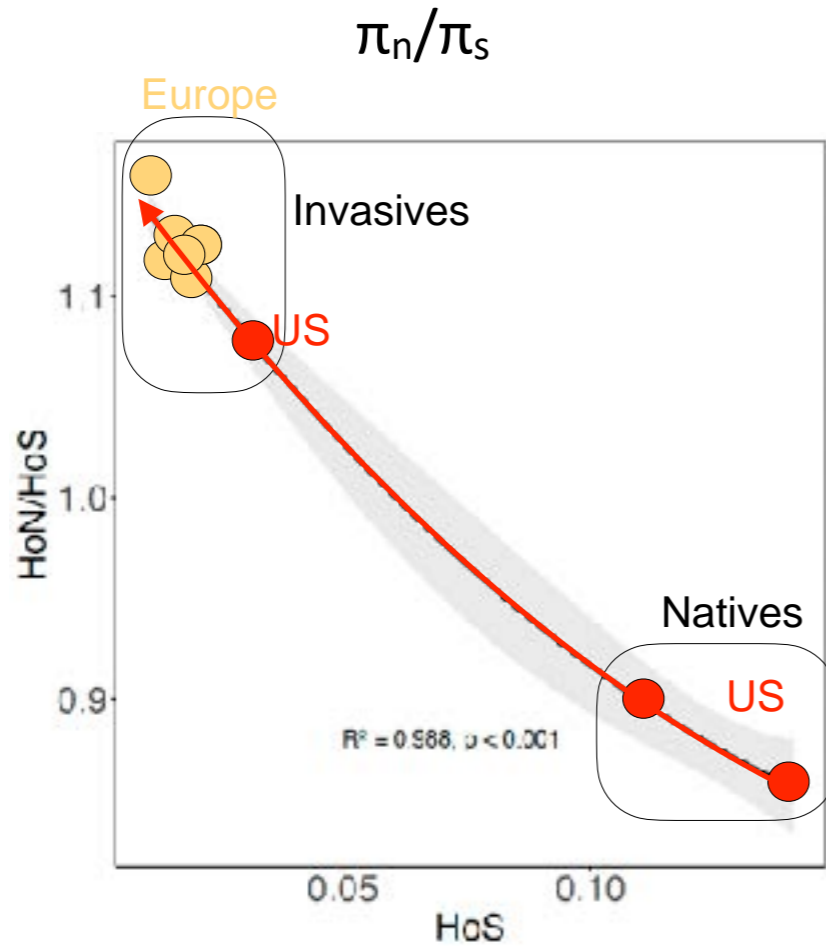
## Résultats : fardeau génétique



Antoine

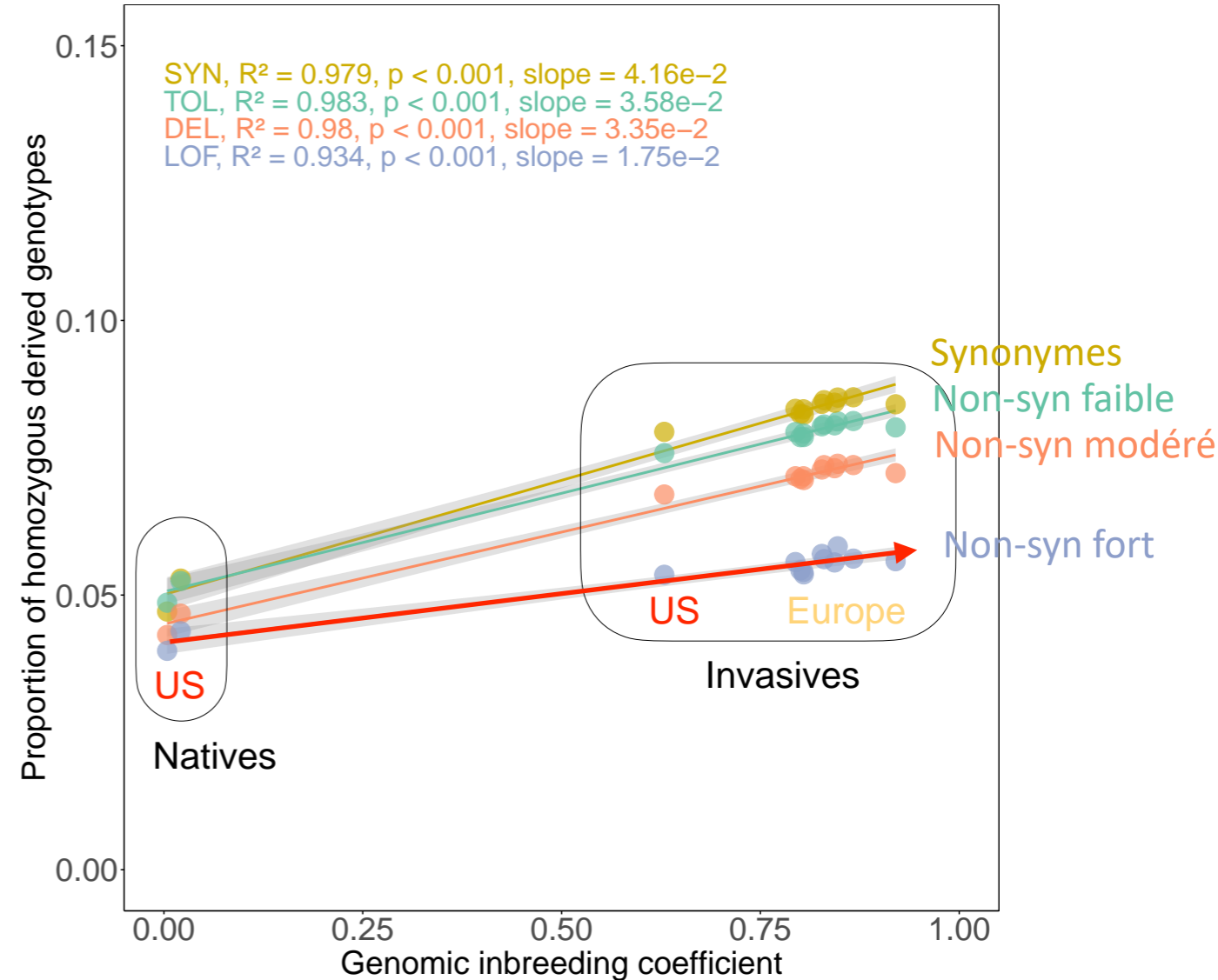


Tanguy



Réduction d'efficacité de sélection lors de l'invasion?

## %de genotypes homozygotes dérivés



- Augmentation de la proportion de génotypes homozygotes dérivés avec la consanguinité, que ce soit pour des variants synonymes de fort effet

...Mais, pente plus faible pour les mutations de fort effet



# Fardeau d'invasion de la gambusie

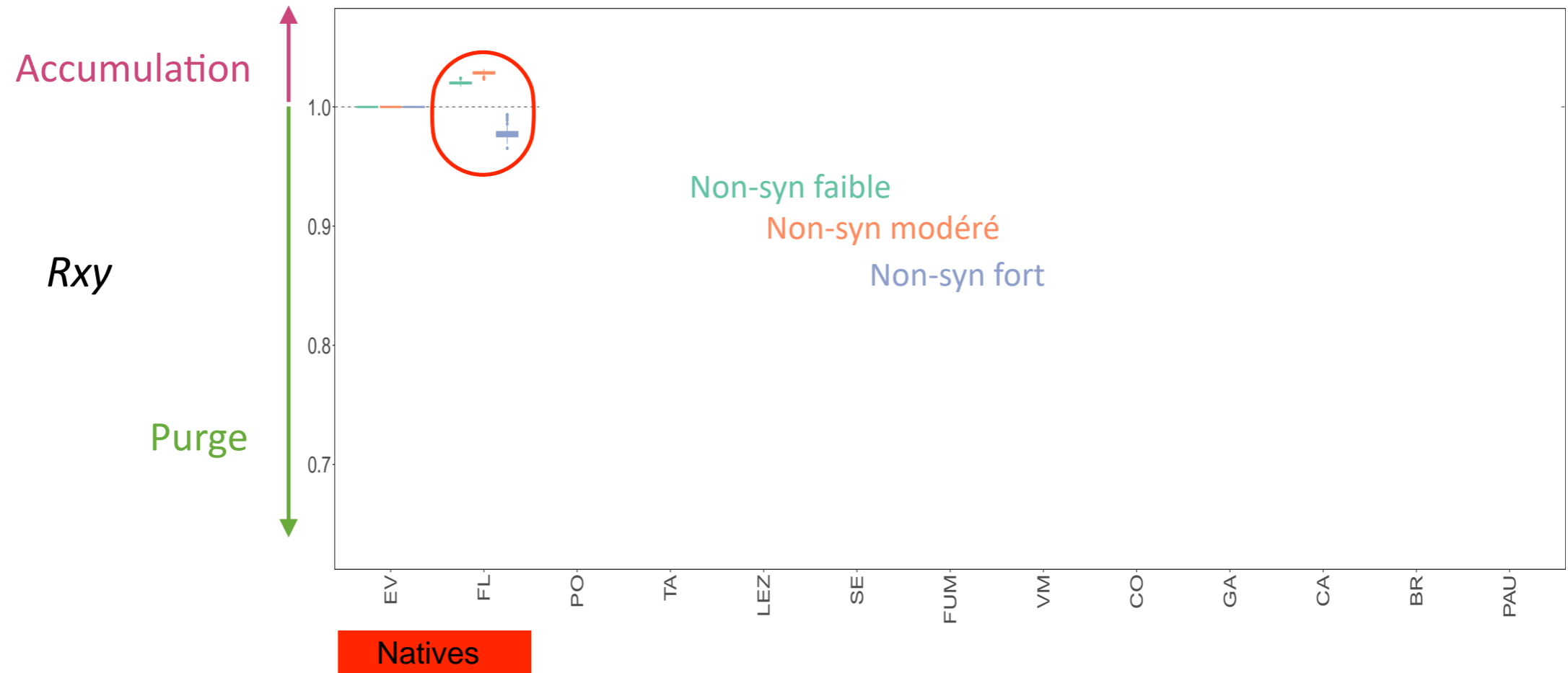
Résultats : fardeau génétique



Antoine



Tanguy





# Fardeau d'invasion de la gambusie

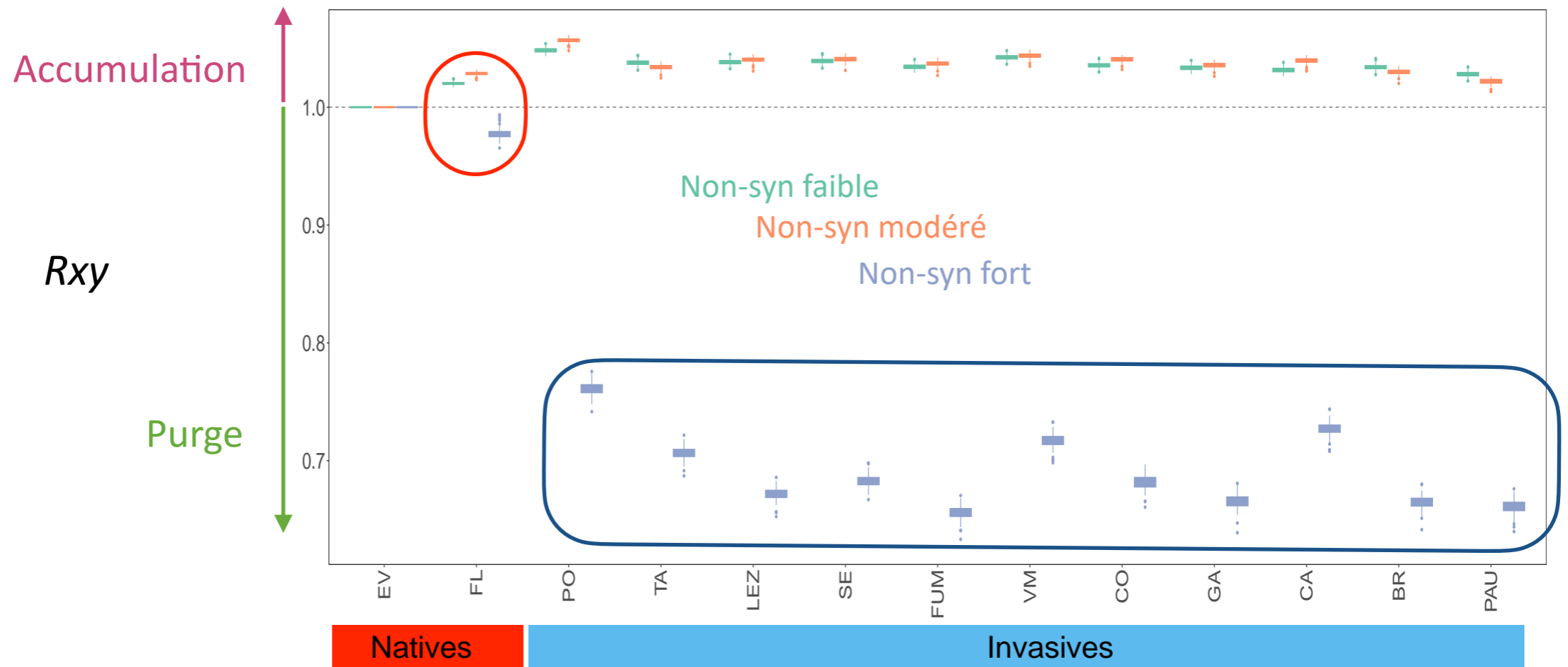
Résultats : fardeau génétique



Antoine



Tanguy



Purge de variants fortement délétères récessifs?

Conséquence de la forte consanguinité?

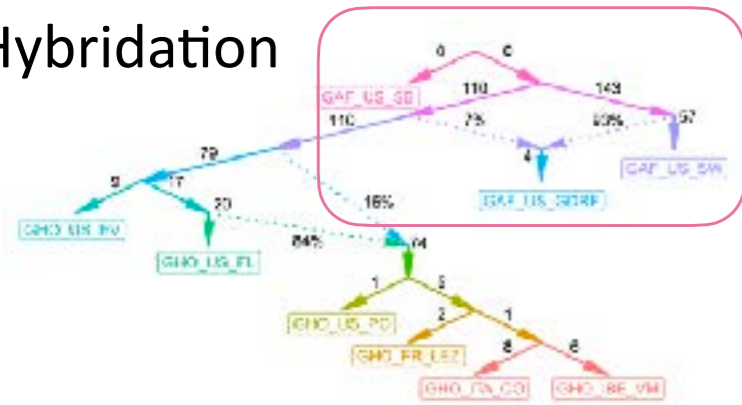


# Fardeau d'invasion de la gambusie

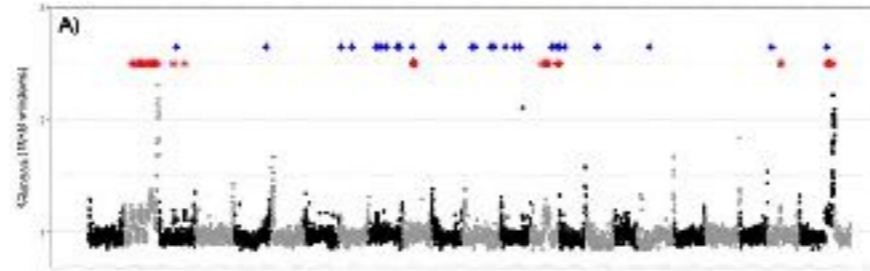
## Perspectives

Interactions du fardeau avec :

Hybridation



Selection lors de l'invasion



Fraimout A, Muller T, Lombaert E, Reisser C, Loiseau A, Garcia Marin JL, Farcy E, Estoup A, Perrier C.

In prep.

Genomics of adaptation and purge-accumulation of the mutation load during the invasion of the Eastern Mosquitofish in Europe.

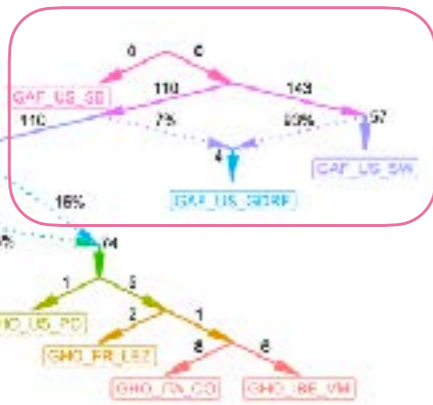


# Fardeau d'invasion de la gambusie

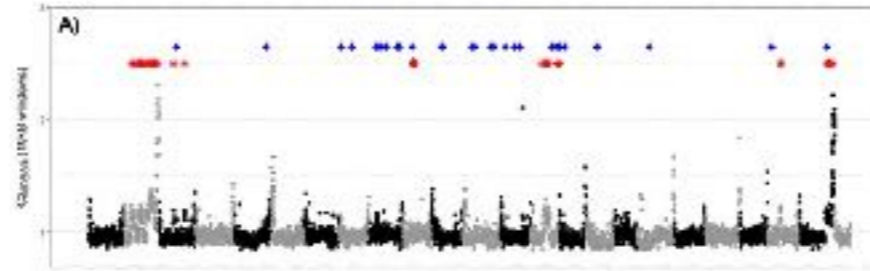
## Perspectives

Interactions du fardeau avec :

Hybridation



Selection lors de l'invasion

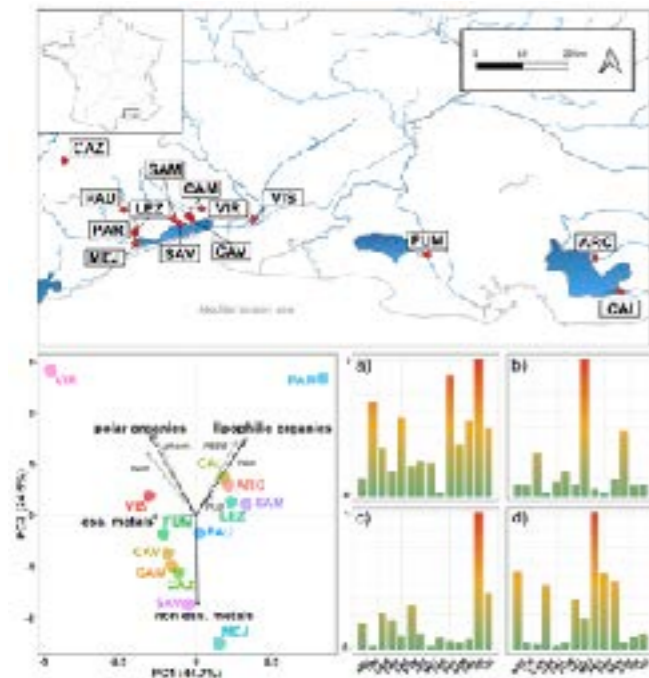


Fraimout A, Muller T, Lombaert E, Reisser C, Loiseau A, Garcia Marin JL, Farcy E, Estoup A, Perrier C.

In prep.

Genomics of adaptation and purge-accumulation of the mutation load during the invasion of the Eastern Mosquitofish in Europe.

Sélections locales en réponse aux pollutions



**Genome-Environment Associations reveal shared and unique adaptive loci across multiple pollutants and populations of the eastern mosquitofish *Gambusia holbrooki***

Antoine Fraimout, Céline Reisser, Émilie Farcy, Eva Blondeau-Bidet, Nicolas Martin, Agnes Rastteter, Arnaud Estoup, Charles Perrier

doi: <https://doi.org/10.64898/2026.01.07.697681>

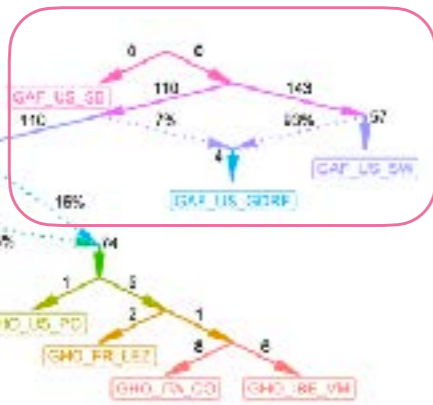


# Fardeau d'invasion de la gambusie

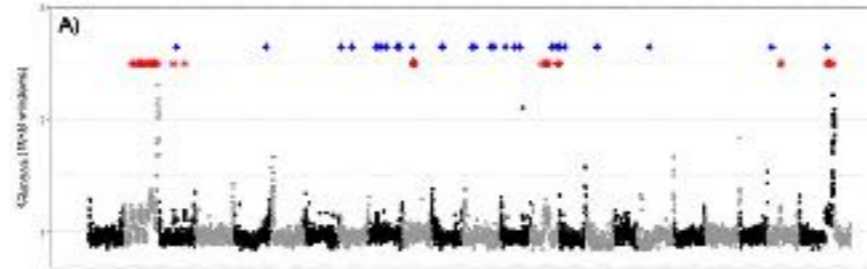
## Perspectives

Interactions du fardeau avec :

Hybridation



Selection lors de l'invasion

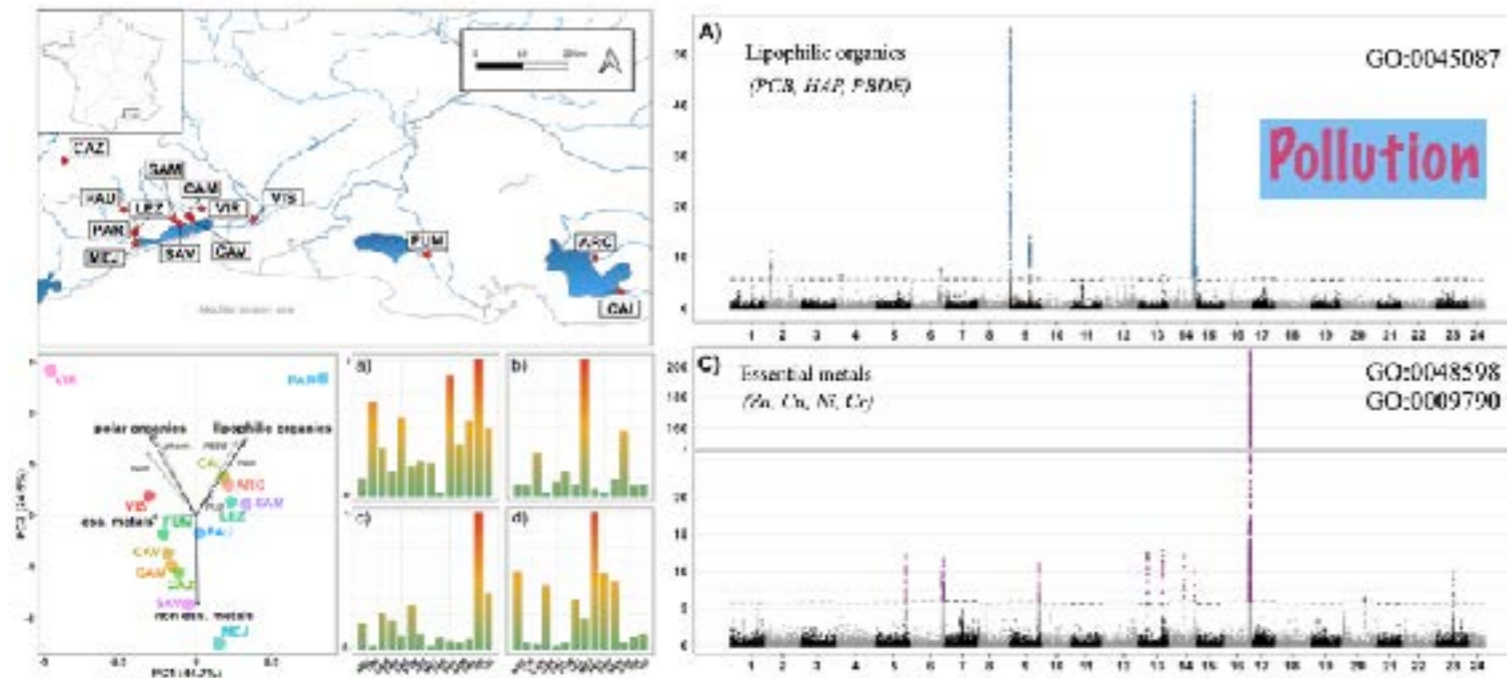


Fraimout A, Muller T, Lombaert E, Reisser C, Loiseau A, Garcia Marin JL, Farcy E, Estoup A, Perrier C.

In prep.

Genomics of adaptation and purge-accumulation of the mutation load during the invasion of the Eastern Mosquitofish in Europe.

Sélections locales en réponse aux pollutions



**Genome-Environment Associations reveal shared and unique adaptive loci across multiple pollutants and populations of the eastern mosquitofish *Gambusia holbrooki***

Antoine Fraimout, Céline Reisser, Émilie Farcy, Eva Blondeau-Bidet, Nicolas Martin, Agnes Rastteter, Arnaud Estoup, Charles Perrier

doi: <https://doi.org/10.64898/2026.01.07.697681>

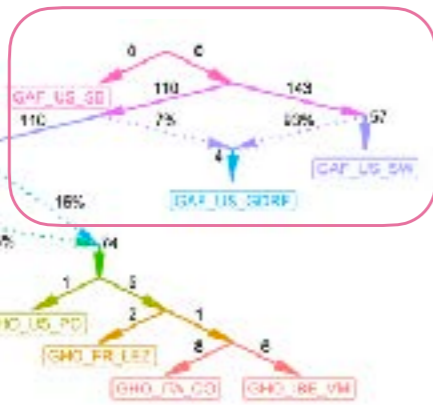


# Fardeau d'invasion de la gambusie

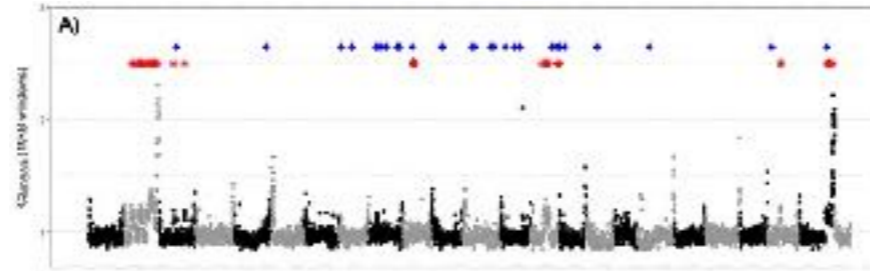
## Perspectives

Interactions du fardeau avec :

Hybridation



Selection lors de l'invasion

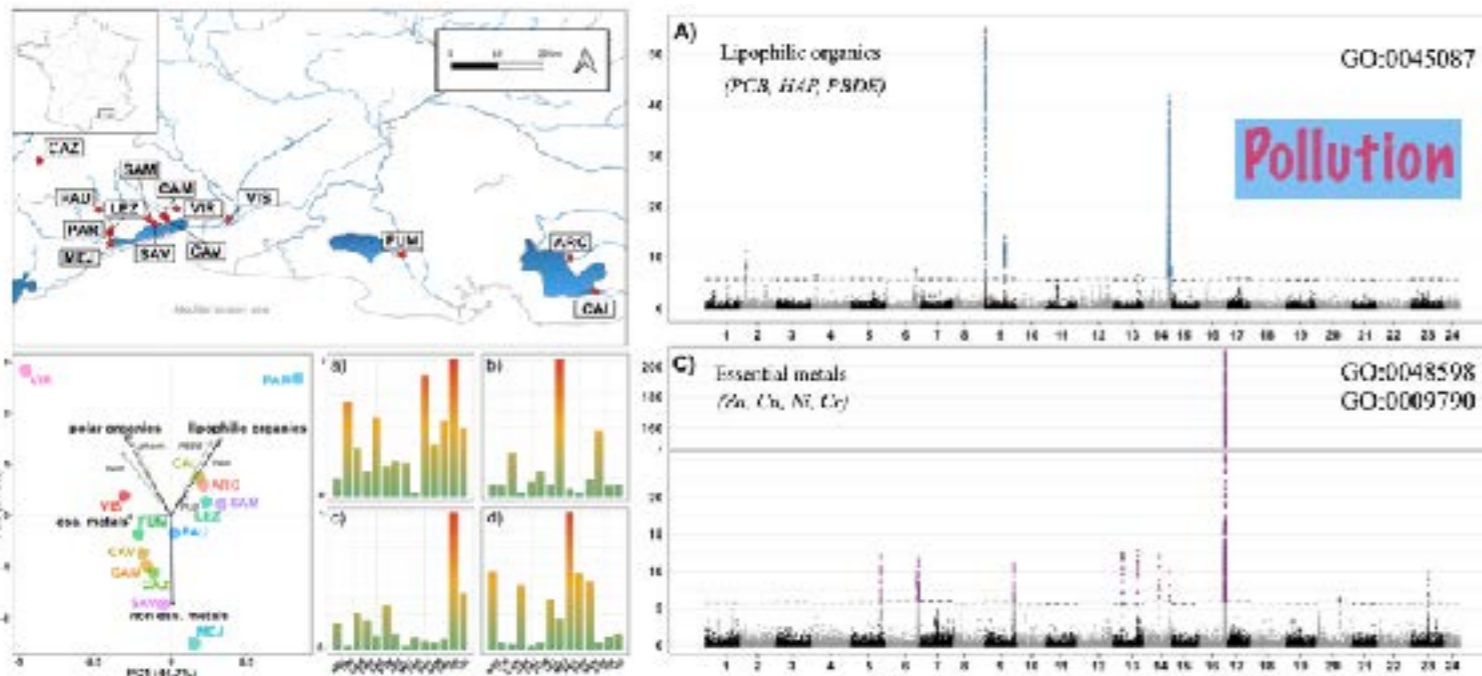


Fraimout A, Muller T, Lombaert E, Reisser C, Loiseau A, Garcia Marin JL, Farcy E, Estoup A, Perrier C.

In prep.

Genomics of adaptation and purge-accumulation of the mutation load during the invasion of the Eastern Mosquitofish in Europe.

Sélections locales en réponse aux pollutions

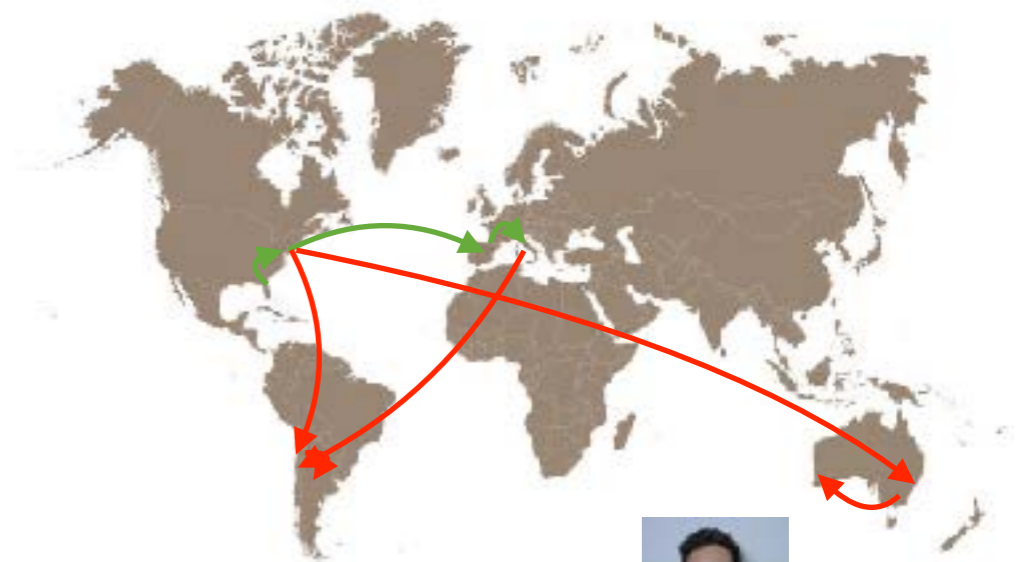


**Genome-Environment Associations reveal shared and unique adaptive loci across multiple pollutants and populations of the eastern mosquitofish *Gambusia holbrooki***

Antoine Fraimout, Céline Reisser, Émilie Farcy, Eva Blondeau-Bidet, Nicolas Martin, Agnes Rastteter, Arnaud Estoup, Charles Perrier

doi: <https://doi.org/10.64898/2026.01.07.697681>

Collaboration internationale étendue



Parallélisme génomique (prédictibilité) de purge du fardeau?



J.A. Cortés Miranda

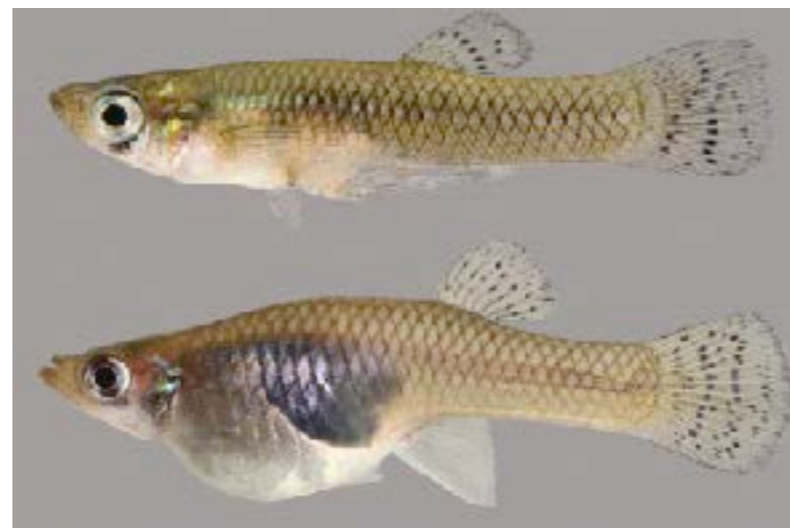
# Bilan & perspectives

*processionnaire du pin*



**Fardeau d'expansion**

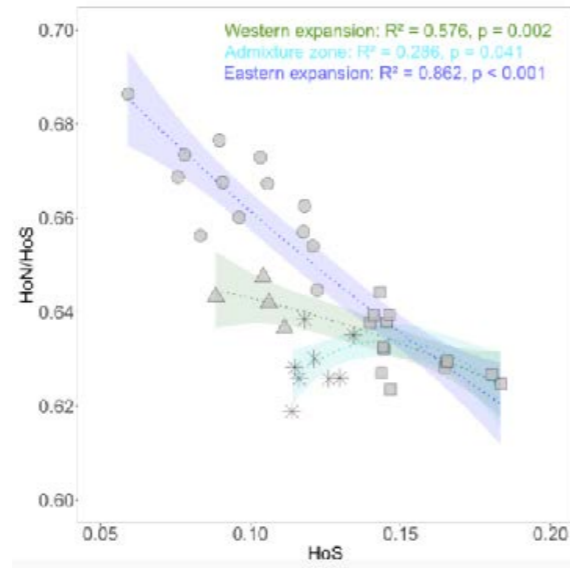
*gambusie*



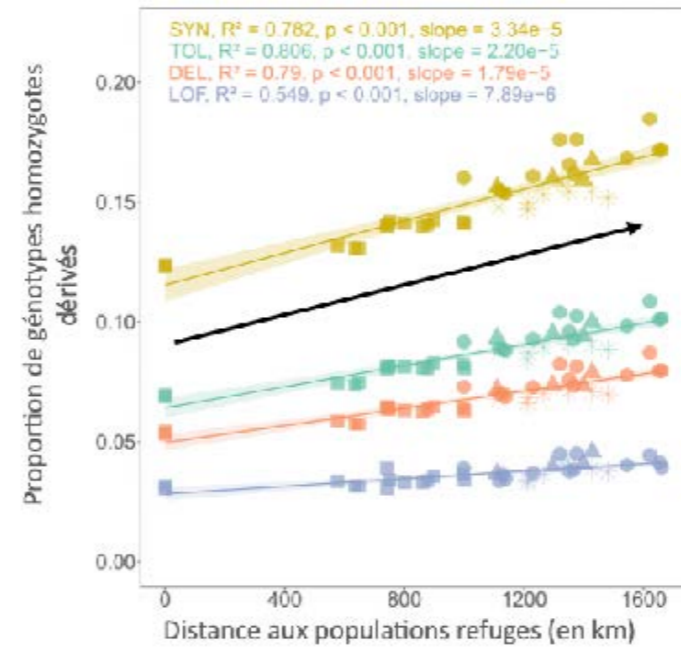
**Fardeau d'invasion**

# Bilan

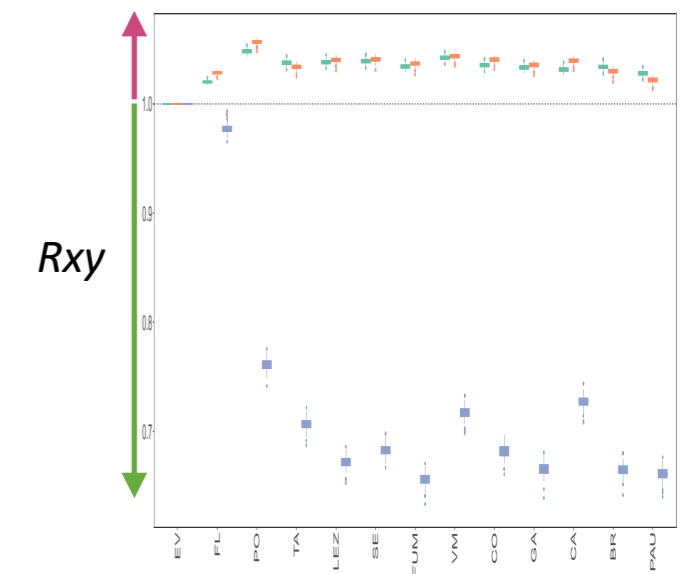
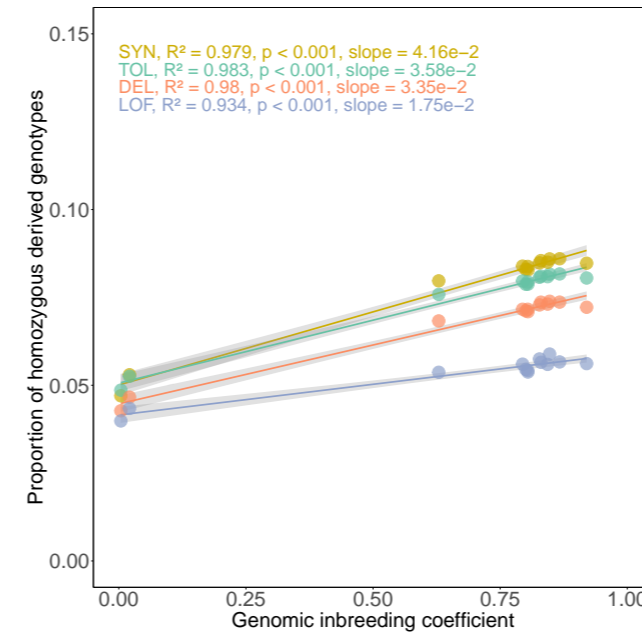
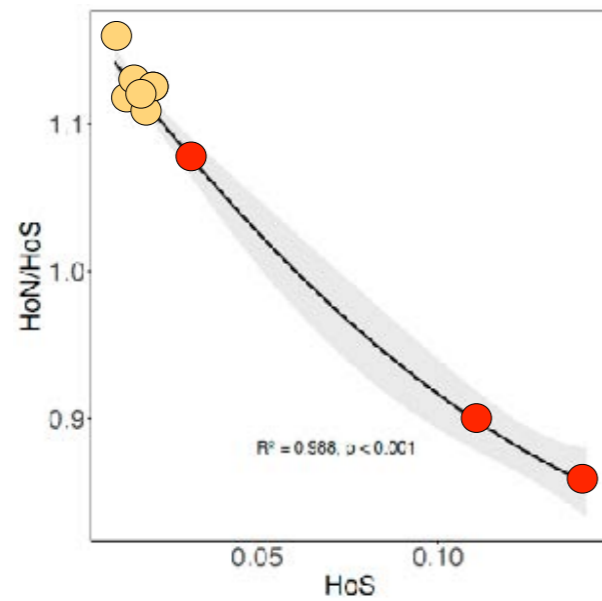
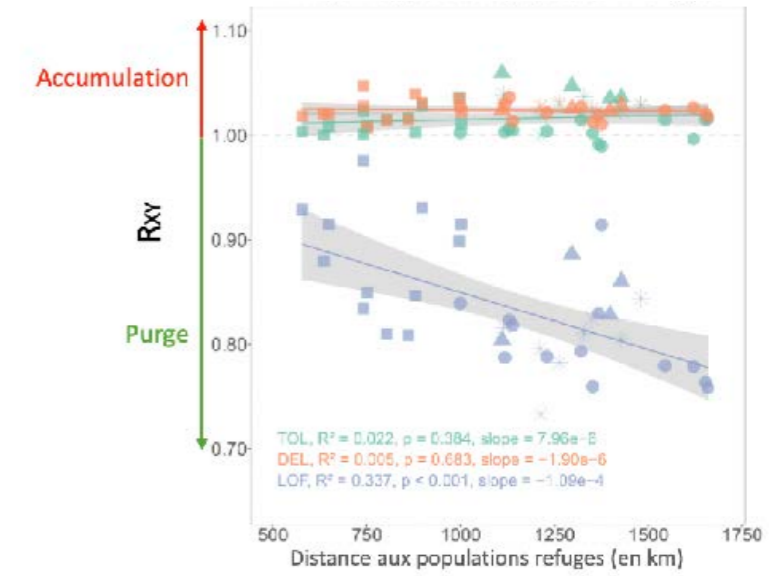
$\pi_n/\pi_s$



Fardeau réalisé



Purge



# Perspectives

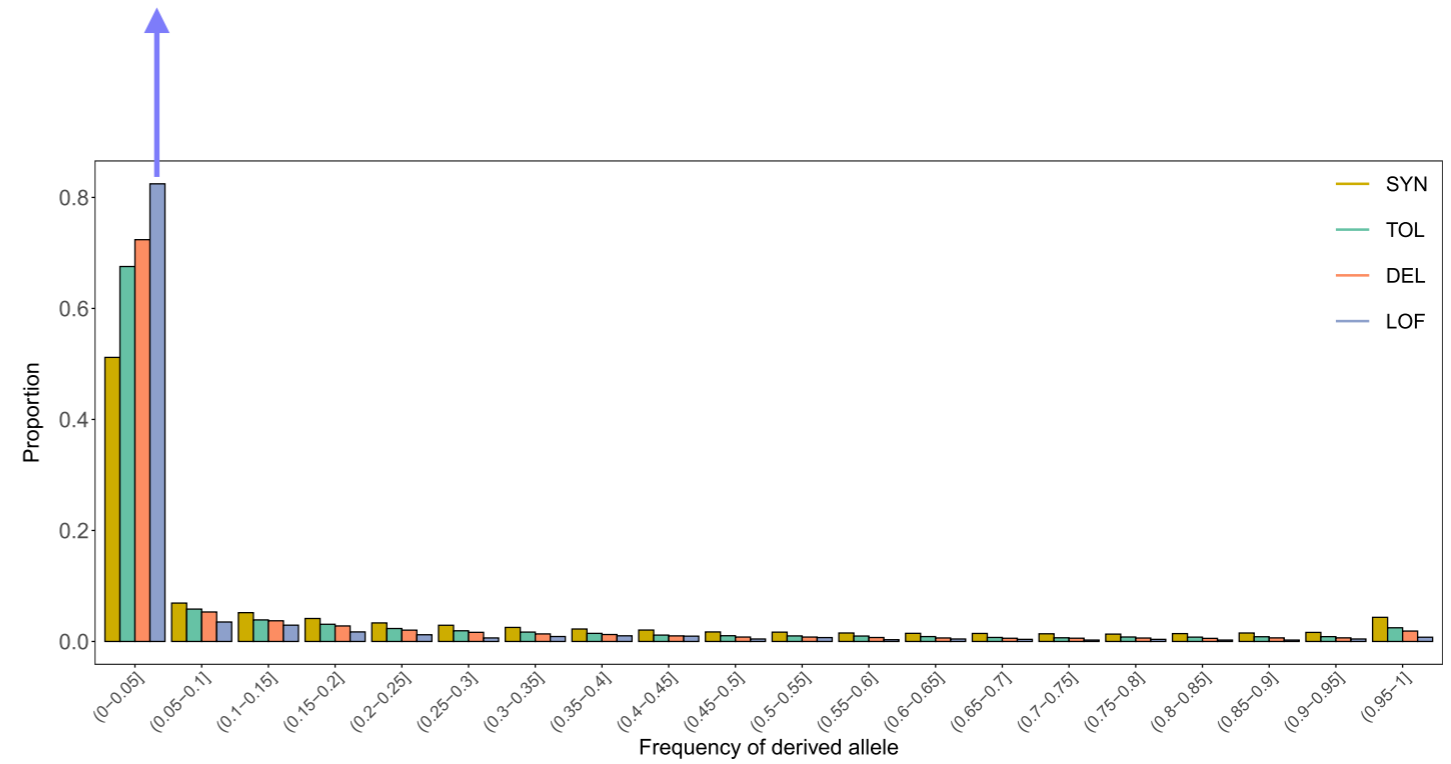
# Perspectives

*Caractérisation du fardeau de mutations*

# Perspectives

## Caractérisation du fardeau de mutations

Pool vs individus; variants rares?

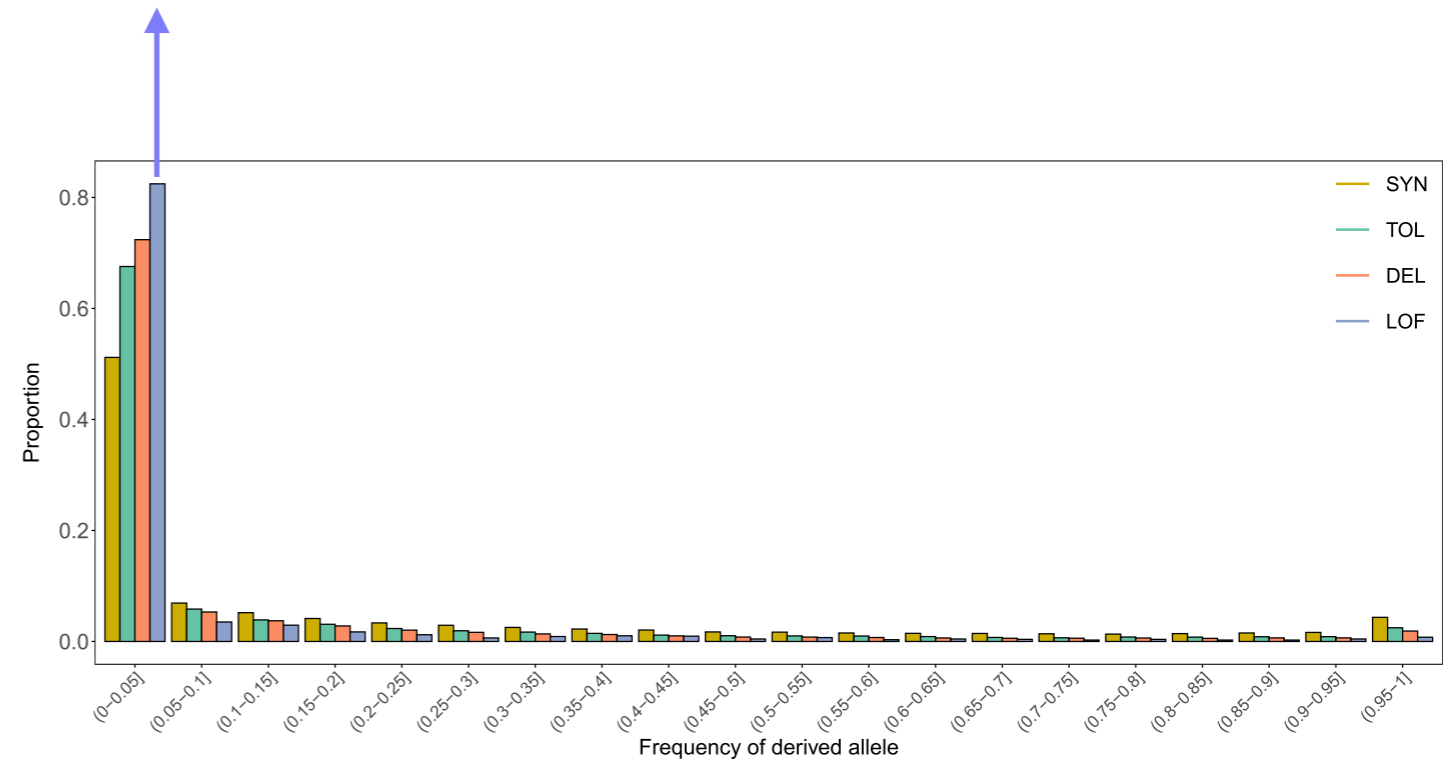


# Perspectives

## Caractérisation du fardeau de mutations

Pool vs individus; variants rares?

Autres prédictions d'effet



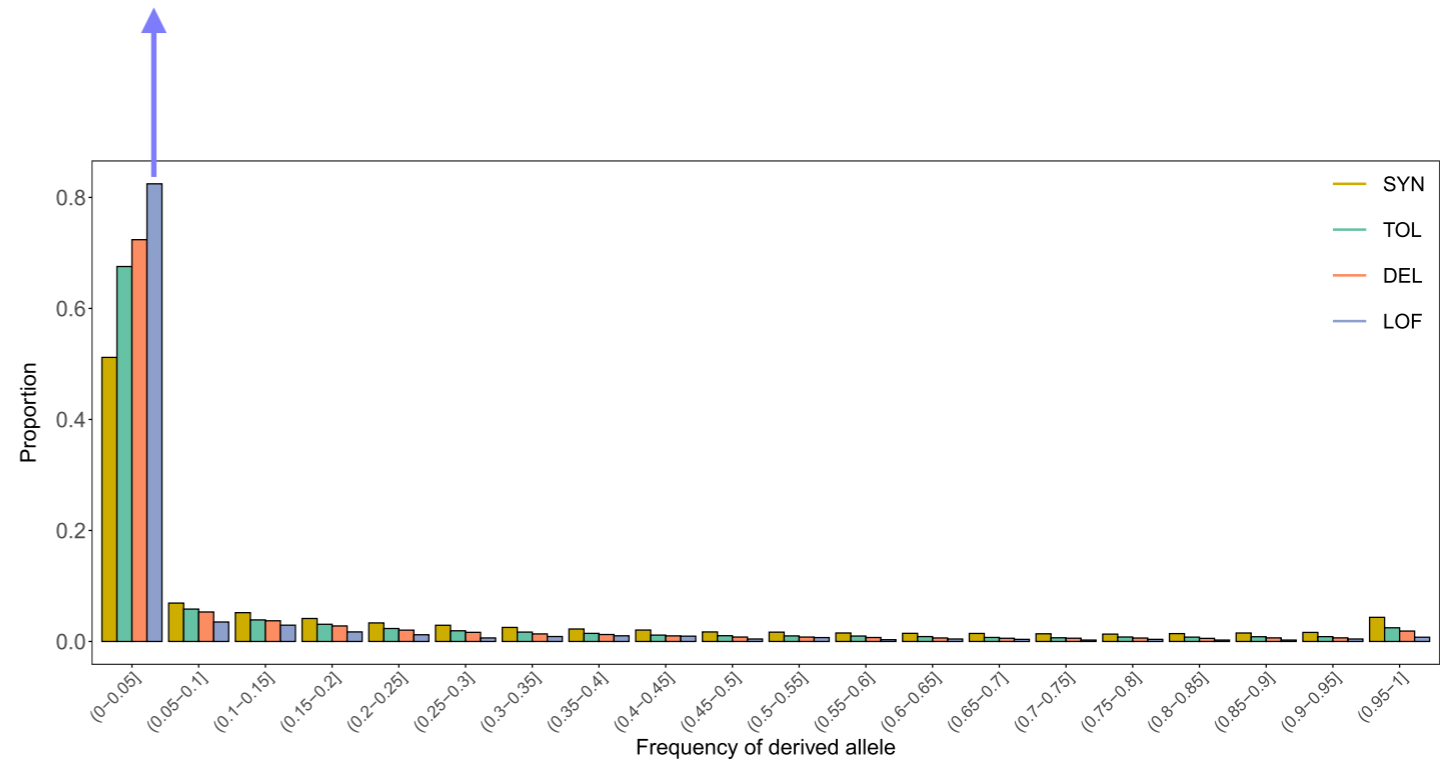
# Perspectives

## Caractérisation du fardeau de mutations

Pool vs individus; variants rares?

Autres prédictions d'effet

Indices de purge?  
(ROH, HWE)



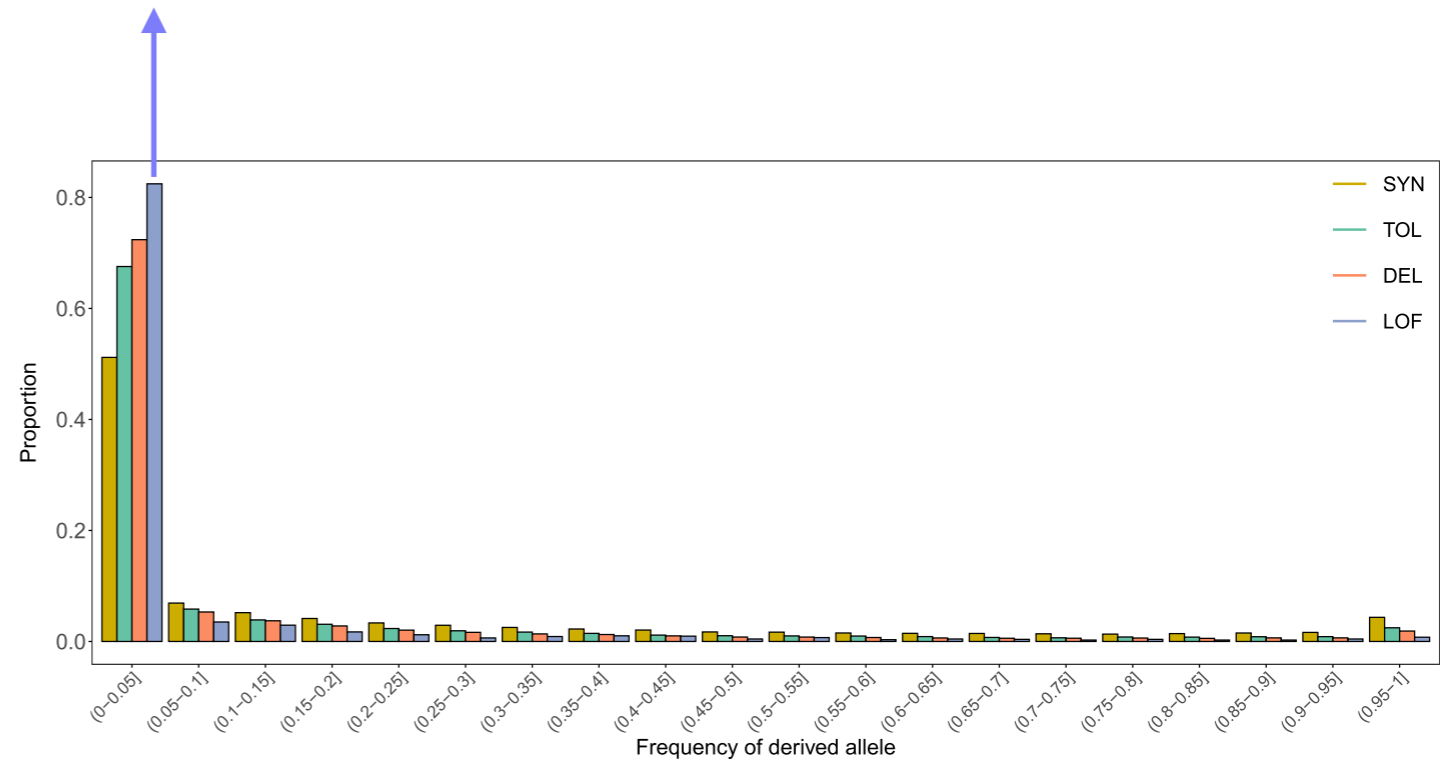
# Perspectives

## Caractérisation du fardeau de mutations

Pool vs individus; variants rares?

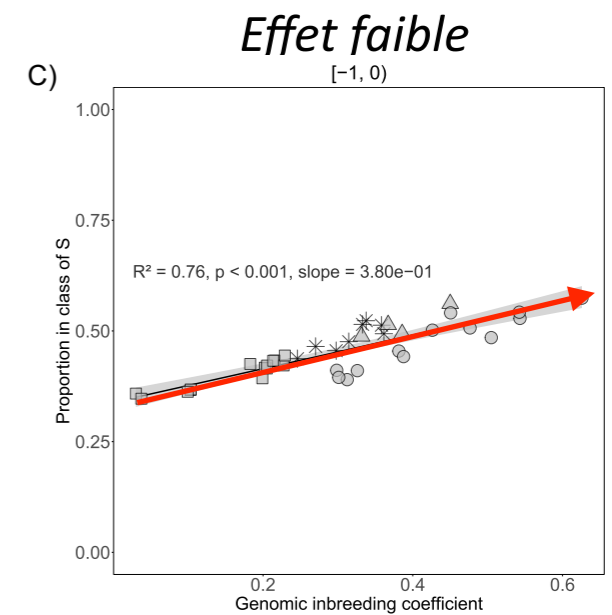
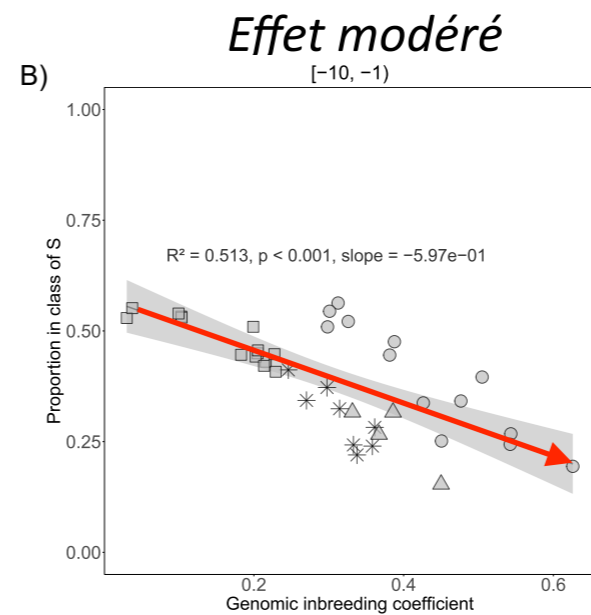
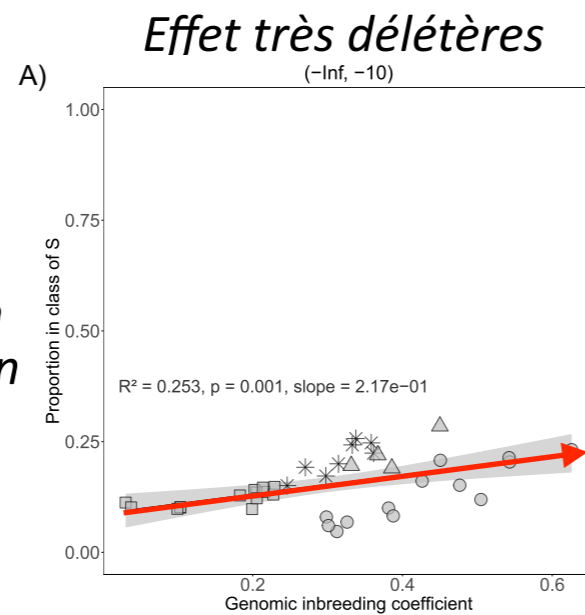
Autres prédictions d'effet

Indices de purge?  
(ROH, HWE)



DFE (...en modélisant h)

Proportion  
de mutation



Consanguinité génomique

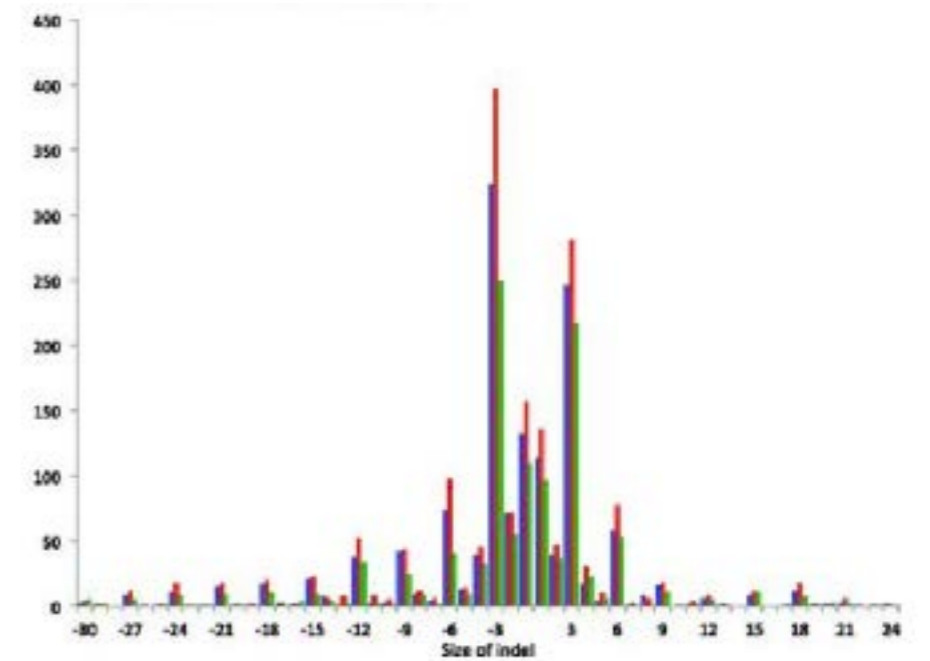
# Perspectives

*Architecture génomique du fardeau*

# Perspectives

## *Architecture génomique du fardeau*

Architecture génomique du fardeau  
~ INDELS



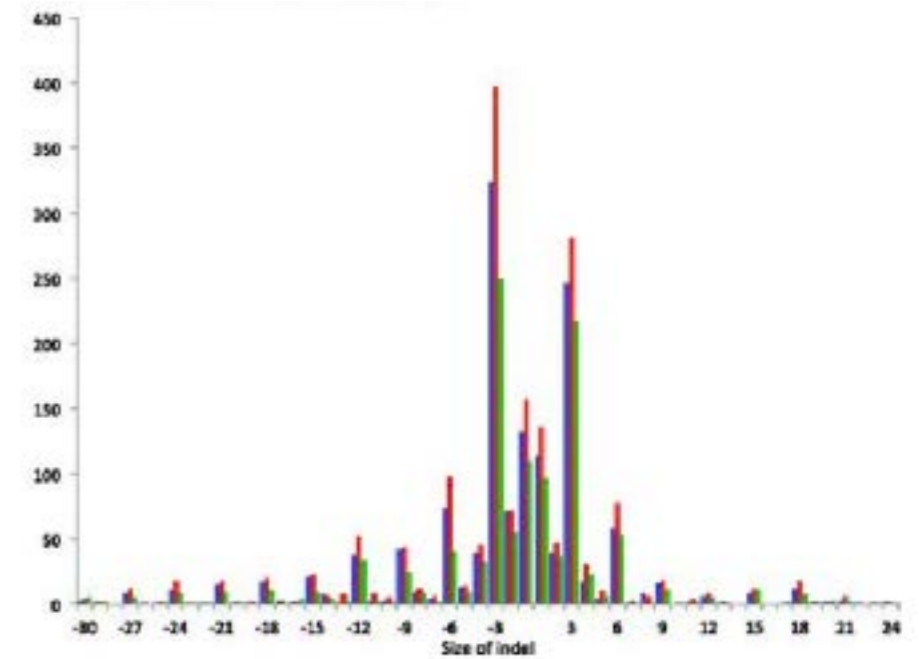
INDEL size

# Perspectives

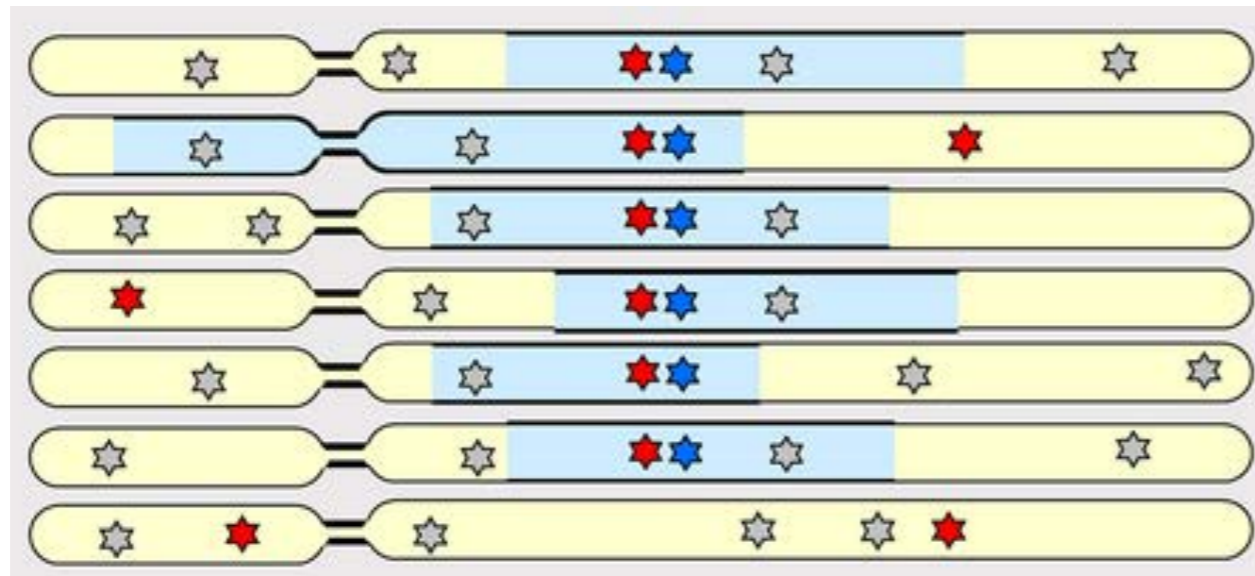
## Architecture génomique du fardeau

Architecture génomique du fardeau

- ~ INDELs
- ~ recombinaison
- ~ ROH
- ~ sélection positive
- ~ hybridation



INDEL size

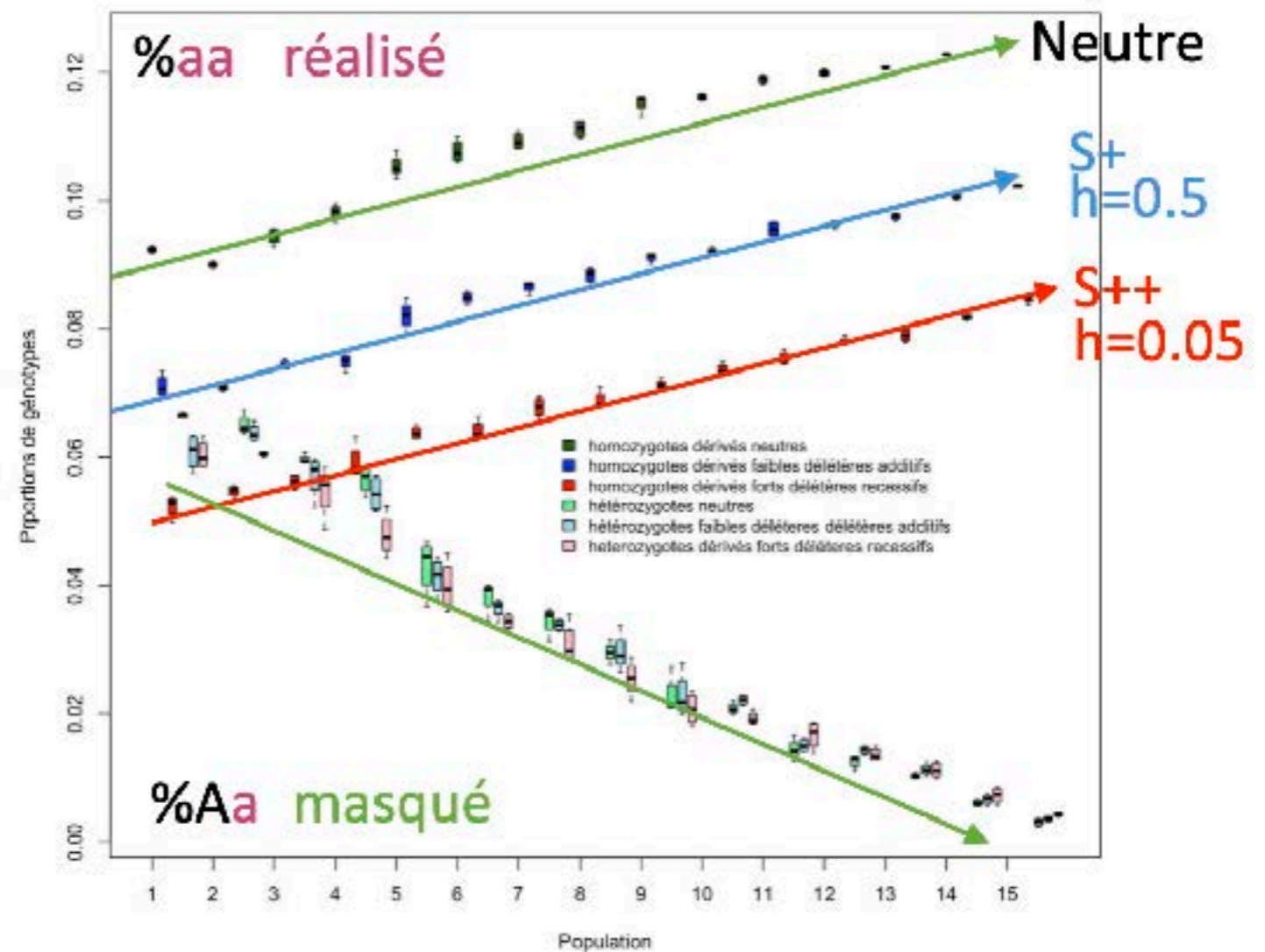
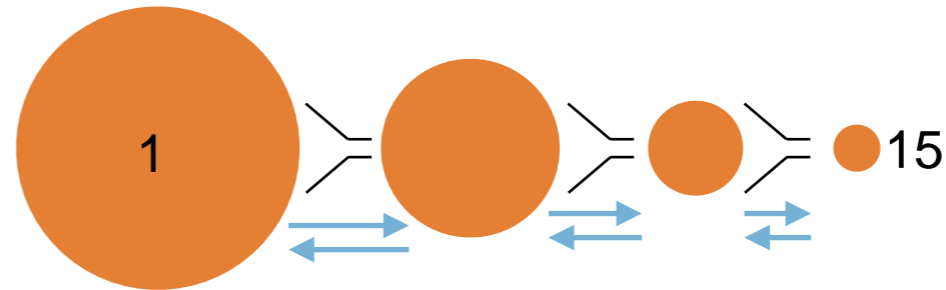
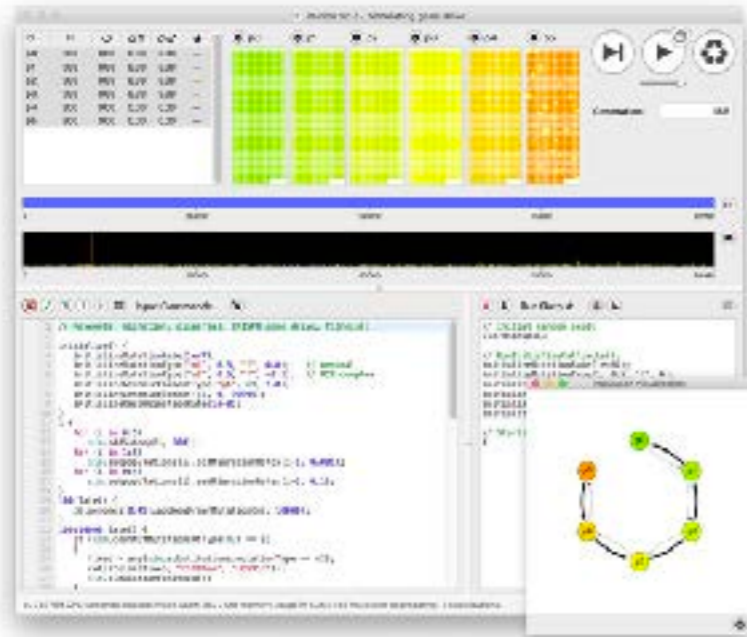


# Perspectives

*Intégration de simulations*

# Perspectives

## Intégration de simulations



# Perspectives

*Approches comparatives*

# Perspectives

## *Approches comparatives*

Espèces avec différents niveaux de diversités



Intensité de purge ~ étendue de l'augmentation de consanguinité

# Perspectives

## Approches comparatives

Espèces avec différents niveaux de diversités



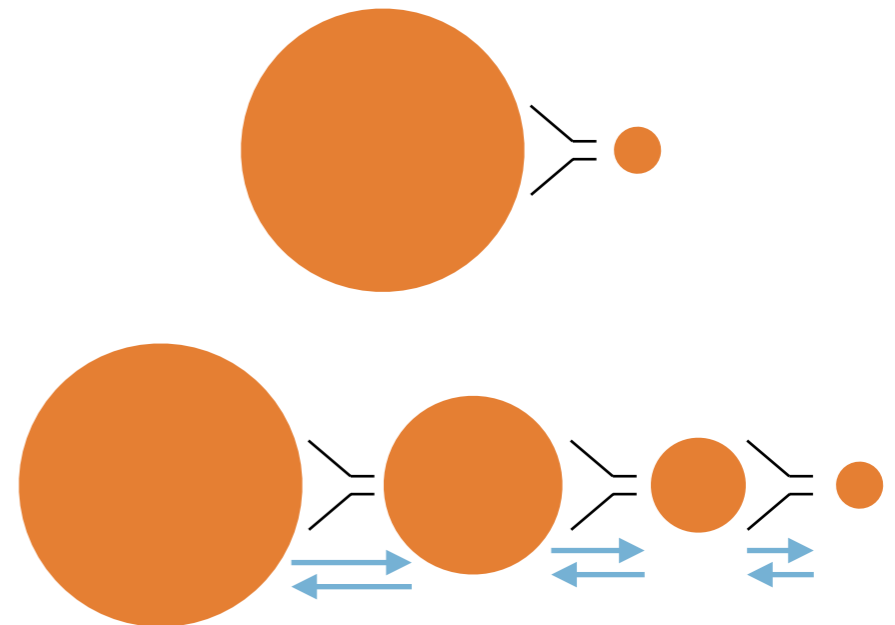
Intensité de purge ~ étendue de l'augmentation de consanguinité

## Invasions-expansions

Invasions sources uniques vs multiples

vs

Expansions poussées vs tirées



# Perspectives

*Comment intégrer ces mesures de fardeau génétique...*

# Perspectives

*Comment intégrer ces mesures de fardeau génétique...*

Dans la gestion des populations?

Dans le genomic offset?

## nature communications

[Explore content](#) ▾ [About the journal](#) ▾ [Publish with us](#) ▾

[nature](#) > [nature communications](#) > [articles](#) > [article](#)

Article | [Open access](#) | Published: 20 March 2025

### **Incorporating genetic load contributes to predicting *Arabidopsis thaliana*'s response to climate change**



*Jiang et al 2025*



Merci pour votre attention

Gracias por su atención

Thank you for your attention