

Titre de la thèse : Évolution de la dispersion : importance de l'hétérogénéité spatiale dans le maintien d'un polymorphisme de dispersion

Direction de thèse : Thibaud Monnin, iEES Paris, DR CNRS, HDR

Co-encadrant : Claudie Doums, ISyEB, DE EPHE, HDR

La thèse étudiera l'importance de l'hétérogénéité spatiale et du compromis colonisation/compétition sur le maintien d'un polymorphisme social (nombre de reines et taille des colonies) et d'un polymorphisme de dispersion (reine ailée ou aptère) qui sont déterminés par un supergène chez une espèce de fourmi. Elle combinera des approches d'écologie spatiale, de génétique des populations et d'expérimentation.

La dispersion est un trait d'histoire de vie majeur par ses effets sur les capacités de colonisations et d'adaptation des espèces et sur les flux de gènes entre les populations. Elle joue un rôle clé dans le maintien des populations, y compris face aux changements environnementaux. Il y a souvent un compromis entre les capacités de colonisation et de compétition (Tilman 1994). Généralement, une stratégie colonisatrice produit de nombreux descendants capables de disperser loin et de coloniser les milieux disponibles, mais qui sont peu compétitifs. Inversement, une stratégie compétitive produit des descendants à même de remporter la compétition pour les ressources (p ex de grande taille) mais elle en produit nécessairement un nombre limité, ce qui réduit sa capacité de colonisation.

Chez les fourmis, la stratégie colonisatrice est caractérisée par la production de jeunes reines ailées qui forment de nouvelles colonies solitairement, tandis que la stratégie compétitive produit de jeunes reines qui ne volent pas (aptères ou avec ailes non fonctionnelles) et forment de nouvelles colonies avec l'aide d'ouvrières (Cronin et al 2013). Les colonies à reines aptères ont souvent plusieurs reines (polygynie) et sont alors plus peuplées, de sorte qu'il y a une association entre stratégie de dispersion et structure sociale résultant en deux syndromes : colonisation associée à monogynie, et compétition associée à polygynie. Ces deux syndromes peuvent être observés au sein de la même espèce, mais généralement pas au sein d'une même population. Chez cinq espèces, le polymorphisme social (monogynie/polygynie) est déterminé génétiquement par un supergène, offrant ainsi une opportunité unique de tester les pressions de sélection permettant le maintien d'un polymorphisme génétique (Kay et al 2022). Le projet de thèse propose d'exploiter un modèle unique, découvert très récemment chez *Myrmecina graminicola*. Cette espèce présente à la fois un polymorphisme de dispersion (reines ailées et aptères) et un polymorphisme social (monogynie et polygynie) en sympatrie sur une large zone de distribution (Buschinger & Schreiber 2002, Finand 2023). Ils sont tous deux déterminés génétiquement par un supergène à deux allèles (thèse en cours d'Antoine Taupenot). Les colonies monogynes sont toutes homozygotes au supergène (M/M) alors que les colonies polygynes sont toutes hétérozygotes (M/P). Nous n'avons pas pour l'instant observé le génotype homozygote P/P. Le supergène est associé de façon moins stricte au polymorphisme alaire. Nous avons développé une caractérisation rapide des deux allèles du supergène à partir des ouvrières par PCR-RFLP, nous permettant de déterminer la fréquence des deux allèles à partir d'ouvrières, sans nécessité de trouver les reines. **Dans ce projet de thèse, nous souhaitons nous focaliser sur l'importance du compromis colonisation/compétition et de l'hétérogénéité spatiale sur le maintien du polymorphisme du supergène avec une approche combinant écologie spatiale, génétique des populations et expérimentation.**

- **Axe 1. Caractériser la distribution des variants du supergène par une approche d'écologie spatiale.** Cet axe vise à caractériser l'hétérogénéité spatiale des habitats de la fourmi *Myrmecina graminicola*, afin d'identifier les paramètres environnementaux (habitats continus ou fragmentés) affectant la fréquence des deux allèles du supergène. Nous comparerons ces fréquences dans des zones boisées favorables à l'espèce et formant des habitats soit continus (larges zones forestières) soit fragmentés (parcs urbains, petites zones forestières). Nous échantillonnerons dans deux régions avec pour chacune 20 sites (10 en habitat continu, 10 en habitat fragmentés) où la litière sera échantillonnée sur 10 quadrats de 50*50 cm (total de 400 quadrats). En région parisienne nous échantillonnerons dans des parcs parisiens (habitat fragmenté), des forêts d'île de France (habitat continu) et dans les deux bois parisiens (bois de Vincennes et bois de Boulogne). En Bretagne nous échantillonnerons dans le golfe du Morbihan qui présente des forêts continues sur le continent et de nombreuses petites îles végétalisées dans le golfe. *M. graminicola* est probablement présente sur nombre de ces petites îles, et dans le cas contraire nous échantillonnerions dans de petites forêts. Nous nous attendons à observer une plus grande fréquence de l'allèle M dans les

habitats à forte hétérogénéité spatiale puisque les reines M/M sont ailées et dispersent plus que les reines M/P qui sont le plus souvent aptères, sauf lorsque les fragments d'habitat favorable sont très agrégés (Finand et al 2022). Inversement, l'allèle P (colonies polygynes plus peuplées) devrait être plus fréquent dans les habitats continus et stables où la compétition entre colonies est intense, ou lorsque la dispersion est contre-sélectionnée (parcs urbains entourés d'un milieu totalement inhospitalier).

- Axe 2. Identifier l'impact de l'hétérogénéité spatiale et des capacités de dispersion des deux morphes sur la structuration génétique des populations. Cet axe vise à (i) vérifier le postulat généralement admis mais très peu testé génétiquement d'une plus grande capacité de dispersion des reines ailées des colonies monogynes par rapport aux reines aptères des colonies polygynes, (ii) tester le postulat que les habitats fragmentés sélectionnent pour un morphe (ils pourraient être des habitats « puits » avec un impact faible ou nul sur le maintien du polymorphisme) et (iii) montrer que les populations de la région parisienne et de Bretagne sont évolutivement indépendantes et peuvent être considérées comme des répliques. Nous génotyperons une ouvrière M/M et une ouvrière M/P récoltées dans chacun des 40 sites échantillonnés (10 par type d'habitat et par région), soit au total 80 ouvrières. Nous utiliserons le *whole genome resequencing* car cela requiert moins d'individus qu'une approche génomique de type RadSeq et qu'il est possible que nous récoltions peu d'individus dans certains sites. Nous comparerons les patrons d'isolement par la distance (Rousset 2000) entre les sites pour chaque région pour répondre à l'objectif (i). Des inférences démographiques se basant sur la théorie de la coalescence seront utilisées pour tester l'objectif (ii) et enfin une analyse hiérarchique de la structuration de la variabilité génétique entre sites et région permettra de tester l'objectif (iii). Nous attendons une dispersion plus importante pour l'allèle M que l'allèle P (isolement par la distance plus prononcé pour les individus portant l'allèle P). L'analyse démographique permettra de tester si les habitats de petites tailles jouent un rôle dans le maintien du polymorphisme. Nous attendons une forte structuration génétique entre les deux régions.

- Axe 3. Tester le compromis compétition/colonisation par une approche expérimentale. Cet axe vise à tester expérimentalement le postulat que les colonies à reine aptère (généralement polygynes et plus peuplées) sont plus compétitives que celles à reine ailée (toujours monogynes). Nous avons déjà montré qu'elles survivent plus et grandissent plus vite au laboratoire lors de la fondation (Finand 2023). Nous mesurerons la performance de colonies matures des deux types en conditions naturelles contrôlées, y compris lorsqu'elles sont en compétition pour les ressources. Nous récolterons des colonies monogynes (reine ailée) et polygynes (reines aptères), vérifierons leur génotype sur quelques ouvrières (M/M et M/P), et les transplanterons dans des enclos (n = 80) dont nous disposons dans le bois de Vincennes. Nous quantifierons la survie, la croissance et l'investissement dans la reproduction (production de nouvelles reines, de mâles, et allocation d'ouvrières aux nouvelles reines aptères) de colonies des deux types élevées seules dans un enclos (n = 20 pour chaque stratégie) ou en compétition avec une colonie de l'autre stratégie (n = 40) pendant un an. Nous nous attendons à ce que les colonies M/P (généralement polygynes et plus peuplées) aient des performances légèrement supérieures aux colonies M/M (monogynes à reine ailée) lorsqu'elles sont élevées seules dans un enclos, et que les colonies M/P souffrent moins de la compétition que les colonies M/M lorsque les deux types sont élevés ensemble dans le même enclos.

Références bibliographiques :

Buschinger, Schreiber (2002) <https://doi.org/10.1007/PL00012658> ; Cronin et al (2013) <https://doi.org/10.1146/annurev-ento-120811-153643> ; Finand (2023) Évolution de la dispersion et structure des communautés de fourmis en réponse à la fragmentation de l'habitat. Thèse de doctorat, Sorbonne Université; Finand et al (2022) <https://doi.org/10.1101/2022.06.08.495260> ; Kay et al (2022) <https://doi.org/10.1098/rstb.2021.0196> ; Rousset (2000) <https://doi.org/10.1046/j.1420-9101.2000.00137.x> ; Tilman (1994) <https://doi.org/10.2307/1939377>

Faisabilité :

Ce projet a une très haute faisabilité car nous connaissons très bien le système biologique et avons les équipements et connaissances nécessaires. Cette thèse s'appuierait sur les compétences en génomique des populations de Stefano Mona (ISyEB, MC EPHE). Nous avons déjà développé des marqueurs génétiques des morphes de reines (aptères ou ailées). Nous bénéficierons du support technique de 3 ITA (iEES Paris : 1 T IRD et 1 IE CNRS ; ISyEB : 1 T EPHE).