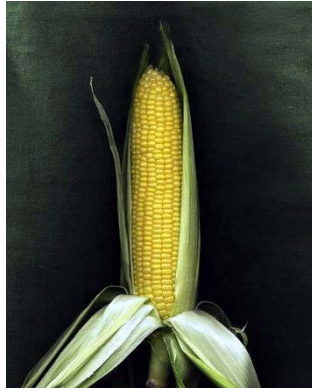


7^{ème} journée IDEEV

6 octobre 2015



Lieu : IMAGIF Campus de Gif-sur-Yvette

Site web : <http://www.egce.cnrs-gif.fr/?p=5241>

Contact : Sylvie.Salamitou@egce.cnrs-gif.fr



7^{ème} journée de l'IDEEV

Amphithéâtre d'IMAGIF, campus CNRS de Gif-sur-Yvette

6 Octobre 2015

Remerciements

Cette journée a reçu le soutien financier de l'IDEEV, de l'Université Paris-Sud et de la société BioRad.

Ce document a été compilé et mis en forme à partir des données de la page web d'inscription via des scripts PHP, Python et $\text{\LaTeX}$ par Jean-Bernard Emond, Sylvie Salamitou et Florence Mougel.

Programme

9h30-9h45

Pierre Capy

Introduction

9h45-10h30

Christian Parisod

Retrotransposons support reproductive isolation

10h30-10h45

Philippe Le Gall

Bilan et futur des écoles de terrain en Afrique Centrale

10h45-11h00

Arnaud Becheler

Modèle d'inférence en démogénétique environnementale

11h -11h20

Pause & Posters

11h20-11h35

Rémi Perronne

Etude des relations entre diversité génétique du blé tendre et profils de successions culturelles en France entre 1980 et 2006

11h35-11h50

Abdel Kader Naino Jika

Evolution of pearl millet diversity driven by farmer's practices : a multi-level assessment

11h50-12h05

Marie Vaugoyeau

Urbanisation has variable influences on the breeding phenology of four passerine birds across Europe and North Africa

12h05-12h20

Elodie Marchadie

Decoding the genetic architecture of growth and water stress response in *Arabidopsis thaliana*

12h20-12h35

Stéphane Dupas

Réductionisme ou holisme, disciplinaire ou transdisciplinaire : Une lecture thermodynamique de recherches multiéchelles menées à l'IDEEV.

12h35-14h30

Déjeuner & Posters

14h30-14h45

Sylvie Rétaux

Evolution of the olfactory system in blind cavefish

14h45-15h

Stefan Little

Integrating transcriptomes into the comparative floral evolution of magnoliids

15h-15h15

Elisabeth Reyes

Floral symmetry shifted 204 times in angiosperms

15h15-15h30

Rafael Isaac Ponce Toledo

Phylogenomics traces the ancestor of primary plastids back to an early branching cyanobacterium

15h30-15h45

Ludwig Jardillier

Small freshwater ecosystems harbour complex protist communities characterised by seasonal dynamics and resilience

15h45-16h

Nicolas Pollet

Phylogenetic and metabolic profiles of an amphibian gut microbiome

16h-16h45

Pause & Posters

16h45-17h

Aurélie Hua-Van

VHICA : A new method to discriminate between vertical and horizontal transposon transfer : application to the mariner family within *Drosophila*

17h-17h15

Vanesa Sanchez

Genomics and Diversity of Ni hyperaccumulation in plants

17h15-17h30

Frédéric Marion-Poll

Des substances amères pour protéger les plantes ?

17h30-18h15

Lars Chittka

Spatial memory in the economy of nature : bees as a model

Communications

Retrotransposons support reproductive isolation

Interspecific hybridization leads to new interactions among divergent genomes, revealing the nature of genetic incompatibilities having accumulated after the origin of species. Conflicts associated with misregulation of transposable elements in hybrids expectedly results in their activation and genome-wide changes that may be a key issue to species boundaries. Here, experimental reciprocal F1 hybrids between three wild wheat (*Aegilops*) species were first used to assess restructuring and epigenetic repatterning in relation to the strength of reproductive isolation. Asymmetrical reorganization of long terminal repeat retrotransposons (LTR-RTs) predicted to cause conflicting interactions matched differential survival of F1 hybrids. In particular, non-random sequence losses and methylation appeared coherent with the necessary repression of incompatible TE loci in sustaining hybrid viability. Natural hybrid zones between *Aegilops geniculata* and *Aegilops triuncialis* were then used to further tackle the consequences of such conflicts for maintaining species boundaries in face of recurrent gene flow. Coherent with insights from experimental populations, conflicting LTR-RTs presented asymmetrical introgression and specific reorganization among natural hybrids. Genomic conflicts involving LTR-RTs are thus highlighted as key incompatibilities supporting reproductive isolation and shaping species boundaries in the long term.

philippe.le-gall@ird.fr

0169823750

Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie

Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse 91198 Gif-sur-Yvette cedex

Bilan et futur des écoles de terrain en Afrique Centrale

Depuis 2011, EGCE (auparavant LEGS/BEI), a participé à la fondation et à l'animation scientifique et pédagogique des projets d'école de terrain en Afrique Centrale et du consortium scientifique ECOTROP qui y est associé. Les actions de recherche portées par le Consortium ECOTROP ont pour ambition de lever des "verrous" scientifiques et techniques pour une meilleure évaluation et une prédiction plus robuste de l'évolution des ressources naturelles dans le Bassin du Congo. La disponibilité des ressources naturelles et l'efficacité des services écosystémiques sont des fonctions complexes qui dépendent du climat, de l'occupation des sols et de la dynamique des écosystèmes, aussi bien que des politiques de gestion et des conditions d'exploitation.

L'objectif général est de contribuer à une meilleure compréhension des relations entre les dynamiques des paysages, les ressources naturelles et les services écosystémiques, en se focalisant sur des groupes d'organismes dont la distribution et la composition jouent un rôle clé pour une gestion durable des environnements.

Ceci c'est traduit chaque année par la participation d'étudiants et d'encadrants originaires de l'IRD, de Paris-Sud et du LEGS a ses expériences uniques que sont ces sessions de formation et de recherche transdisciplinaire sur le site du Parc national de La Lopé au Gabon. Depuis 2015, l'expérience est en cours de transfert vers une école de terrain dans les écosystèmes montagnards de l'Ouest Cameroun. De même, en fin d'année, ce sont les écosystèmes littoraux qui devraient s'adjoindre au dispositif initial. On peut espérer qu'à terme ECOTROP et ses institutions partenaires dont fait partie l'IDEEV puisse proposer un choix très original de formation et de sites de recherche en milieu tropical depuis les écosystèmes littoraux jusqu'aux écosystèmes montagnard en passant par l'écotone forêt-savane de La Lopé.

arnaud.becheler@egce.cnrs-gif.fr

0615565175

Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie

Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse 91198 Gif-sur-Yvette cedex

Modèle d'inférence en démogénétique environnementale

Les changements globaux ont des impacts démographiques importants sur la biodiversité. Comme ces perturbations laissent des traces identifiables sur la diversité génétique, il devient urgent de pouvoir expliquer le lien entre les processus évolutifs (signal génétique) et les facteurs environnementaux (changement globaux) pour pouvoir informer l'avenir probable des populations de l'espèce d'intérêt. La génétique du paysage a mené beaucoup d'efforts en ce sens, en cherchant à établir des corrélations entre patrons génétiques des populations et variables environnementales. Mais ces méthodes corrélatives sont limitées dans leurs capacités explicatives. Une famille de modèles spatialement explicites, basés sur la coalescence en environnement hétérogène, commence à émerger dans la littérature et pourrait permettre de mieux rendre compte des processus écologiques à l'œuvre dans nos paysages. Nous proposons ici un modèle original permettant l'inférence par Calcul Bayésien Approché de paramètres écologiques à partir de données génétiques et environnementales, et nous l'appliquons à l'étude du phénomène d'invasion biologique de *Vespa velutina* (frelon asiatique) en France.

remi.perronne@moulon.inra.fr

0169332345

Génétique Quantitative et Evolution - Le Moulon

Ferme du Moulon 91190 Gif-sur-Yvette

Etude des relations entre diversité génétique du blé tendre et profils de successions culturales en France entre 1980 et 2006

Rémi PERRONNE¹, Isabelle GOLDRINGER¹, Céline SCHOTT²

Mots-clés : HT*, nombre de variétés, diversité N2 de Simpson, diversité génétique de Nei , successions culturales, système de culture, enquête TerUti, historique, occupation du sol, déterminant, blé tendre, France, génétique

En France, une diminution de la diversité génétique du blé tendre a été observée durant la seconde moitié du 20ème siècle. Cette tendance varie cependant à une échelle spatio-temporelle plus fine, suggérant l'évolution d'un ou plusieurs déterminants majeurs.

Dans le cadre de cette étude, nous nous sommes focalisés sur la période 1980-2006 et sur une cinquantaine de départements. Parmi les déterminants ayant pu influencer la diversité génétique du blé tendre, nous avons analysé les relations entre différentes métriques caractérisant cette diversité et les profils de successions culturales, issus du traitement de l'enquête TerUti (Ministère de l'Agriculture) ceux-ci permettant, en partie, de décrire les systèmes de cultures et leurs évolutions.

Les métriques de diversité sélectionnées distinguent la richesse variétale, la dominance relative des variétés et la diversité génétique, intégrant ou non la surface assolée des différentes variétés à échelle départementale. La définition des profils de successions culturales repose, quant à elle, sur l'analyse des proportions relatives de combinaisons de cultures sur trois années consécutives, pratiquées au cours de deux sous-périodes distinctes (1981-1990 et 1991-2003) déterminées par des changements de stratégie d'échantillonnage dans l'enquête TerUti.

Deux approches statistiques complémentaires ont été réalisées afin d'étudier les relations entre les profils de successions culturales et la diversité du blé tendre. Sur la base d'une procédure associant analyse multivariée et clustering, pour chaque variable considérée séparément, nous avons pu identifier des groupes de départements comparables en termes d'évolution temporelle de leur diversité et de profils de successions culturales. La comparaison des groupes via un test du χ^2 a permis de mettre en évidence que des départements présentant une évolution temporelle comparable en termes de diversité génétique se caractérisaient également par des profils de successions culturales similaires. Ce constat a été confirmé en comparant la distance entre départements, en termes de

1. INRA, UMR 0320 Génétique Quantitative et Evolution - Le Moulon, 91 190 Gif-sur-Yvette, France

2. INRA-SAD / Unité ASTER -662, avenue Louis Buffet , 88 500 Mirecourt, France

diversité ou de proportions relatives de combinaisons de cultures sur trois années, via un test de Mantel. Ce dernier a souligné que les départements dont la diversité moyenne était comparable se caractérisaient également par des profils de successions culturelles similaires, un résultat pouvant être généralisé à l'ensemble des métriques et aux deux sous-périodes étudiées, la période 1991-2003 présentant une corrélation plus élevée.

La mise en évidence de corrélations répétées entre indicateurs de diversité et profils de successions culturelles suggère que celles-ci, directement ou du fait de déterminants sous-jacents à leurs évolutions (ex. conditions pédoclimatiques, structuration des coopératives et des industries de traitements des productions agricoles, évolution des politiques agricoles), représenteraient l'un des déterminants potentiels de la diversité génétique du blé tendre. Pour la suite de l'étude, des analyses de pistes tenant compte de la complexité des relations causales entre déterminants sont envisagées.

kader.naino@u-psud.fr

0781782086

Ecologie Systématique Evolution

Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud 91405 ORSAY Cedex

Evolution of pearl millet diversity driven by farmer's practices : a multi-level assessment

Growing and exchanging a portfolio of crops and varieties which are complementary in some aspects (agronomic or nutritionally) is a key factor for food security in Sahel. However, patterns and dynamics of crop diversity assessed at different levels (genetics, biochemistry, agronomic) are still poorly understood. We studied the relationship between neutral genetic diversity, phenology and seed biochemical compounds in pearl millet landraces, a major crop in Sahel. Our study focused on landraces grown in south western Niger, in an area corresponding to two ethno-linguistic zones (Zarma and Hausa populations). The purpose was to better understand the interplay of gene flow and farmers' selection in the evolution of varietal types (mainly those classified as early and late flowering by farmers themselves) in this area where contrasted rainfall patterns prevail.

Neutral genetic diversity at this scale is globally not correlated to rainfall gradients but is rather structured in two main clusters which coincide with human ethno-linguistic diversity. This result suggests the existence of social barriers to effective gene flow between ethno-linguistic groups. In addition there is very little or no differentiation between landraces grown by the same ethno-linguistic group for neutral markers. This confirms seed flow, in this crop having high social and cultural values, may be strongly ruled by social factors. Our results also show the very weak differentiation at neutral markers and for cycle-length of some landraces grown in same localities and classified by farmers as early and late flowering landraces. This confirms the existence of pollen flow between them, as shown by other authors, especially in the most northern (drier) areas. However, we observed a clear differentiation between these varietal types for post harvest characters that are commonly the only used by farmers to select seeds for next generation. This suggests farmers practices are operating to maintain perceptual distinction between their different landraces but not always to maintain phenological differences, especially where droughts are more frequent. Finally, we used a proteomic approach to carry out one of the first assessment of diversity for seed biochemical compounds of a collection of landraces which correspond to different culinary uses and organoleptic characteristics.

Keywords : pearl millet population genetic structure, gene flow, seeds exchanges, genetic resources, genetic diversity, cultural diversity, landraces, biochemical diversity, phenology, genotype environment interaction.

marie.vaugoyeau@gmail.com

0677017487

Ecologie Systématique Evolution

Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud 91405 ORSAY Cedex

Urbanisation has variable influences on the breeding phenology of four passerine birds across Europe and North Africa

The increase in size of urban human populations results in habitat conversion. Such urban areas have specific environmental characteristics, which influence the population dynamics of plants and animals. For example, date of bud break is advanced in urban than in rural areas. In birds, breeding success is determined by the synchrony between timing of breeding and peak food abundance. Caterpillars are important food for nestlings in our studied species and their abundance is influenced by environmental factors like temperature or date of bud break. Higher temperature and advanced date of bud break measure in urban areas could advance peak caterpillar abundance. Does urbanisation influence timing of breeding in passerine birds across North Africa and Europe?

We analysed the timing of breeding in relation to urbanisation in 197 nest box plots across Europe for four species of hole-nesters :

- blue tits (*Cyanistes caeruleus*),
- great tits (*Parus major*),
- collared flycatchers (*Ficedula albicollis*),
- pied flycatchers (*Ficedula hypoleuca*).

We estimated urban intensity as the density of building around study plots measured on orthophoto of Google Earth. Laying dates of blue tits, great tits and collared flycatchers advanced with increasing urbanisation while this was not the case for pied flycatchers. This is the first large-scale study showing a species-dependent major effect of urbanisation on the timing of breeding. As egg laying dates are directly related to female behaviour, then it opens up new ways to study the influence of urbanisation on female breeding behaviours.

elodie.marchadier@u-psud.fr

0671829744

Génétique Quantitative et Evolution - Le Moulon

Ferme du Moulon 91190 Gif-sur-Yvette

Decoding the genetic architecture of growth and water stress response in *Arabidopsis Thaliana*

Maintaining high quality crop production under water limited availability is a major challenge for the scientific community in the next years. Judging from their worldwide distribution, plants have an inherent ability to adapt to fluctuating environmental conditions. Our work aims to better understand the evolutionary mechanisms which lead to the diversity of strategies plants have developed to acclimate to water stress conditions. Ecologically distant *Arabidopsis thaliana* accessions constitute a valuable source of alleles to carry out this investigation. This project used genome-wide quantitative molecular genetics to better understand a very integrative and classical quantitative trait : growth in interaction with the environment, especially in water stress conditions.

We used a unique high-throughput phenotyping robot, the Phenoscope combined to association genetics and fine-mapping approaches. It allowed to pinpoint a significant number of QTLs. In addition to the main results of the project, we will also discuss the strategies we developed to dissect the complex genetic architecture of integrative traits.

Réductionisme ou holisme, disciplinaire ou transdisciplinaire : Une lecture thermodynamique de recherches multiéchelles menées à l'IDEEV.

L'évolution des systèmes biologiques dépend de dynamiques d'interactions, qui à la fois, résultent et sont et à l'origine, de l'information adaptée contenue dans les gènes et les cerveaux. Cette information intelligente se transmet et se multiplie à chaque échelle d'organisation du gène au socioécosystème. La théorie thermodynamique propose qu'elle se multiplie d'autant plus qu'elle contribue à la dissipation d'énergie libre du système ouvert qu'elle constitue. L'intelligence d'une bactérie, par exemple consiste à orienter ses déplacements vers les zones de plus forte concentration de nutriments afin d'en réduire la concentration. En extrayant du pétrole pour augmenter notre puissance énergétique, nous déplacer, nous nourrir, et croître démographiquement, nous dissipons aussi au maximum l'énergie libre contenus dans des gradients. L'hypothèse formulée par les physiciens est donc que ces systèmes thermodynamiques ouverts se structurent et s'adaptent pour maximiser le flux de dissipation d'énergie qui les traverse. Mais l'adaptation des niveaux supérieurs ne peut faire qu'en coordination avec celle des niveaux inférieurs. Il y a parfois conflit entropique entre échelles.

Je présenterai ces mécanismes adaptatifs et leur expression thermodynamique à l'œuvre dans les objets de recherches menées dans l'IDEEV, à tous les niveaux du socioécosystème. A chaque niveau on observe des processus apparentés de dissipation d'énergie libre contenue dans des gradients. Chacun des systèmes étudiés est aussi le lieu de conflits entre structures dissipatives, érodant les gradients et pouvant provoquer l'effondrement de niveaux supérieurs. Je proposerai une lecture thermodynamique des mécanismes génétiques et neuronaux d'adaptation étudiés à l'IDEEV, qu'il s'agisse de flux d'information au sein de sociétés de drosophile, de l'évolution des gènes distor-teurs de ségrégation, de l'évolution de la biodiversité cultivée, ou du devenir des socioécosystèmes face aux changements globaux. Je discuterai des conflits qu'ils peuvent engendrer entre unités et échelles de l'adaptation. Je montrerai que les adaptations des échelles supérieures ne peuvent être comprises qu'en comprenant les processus à l'œuvre aux échelles inférieures. Les propriétés émergentes s'observent aussi au sein de chaque discipline, de chaque objet. Quels que soient les niveaux, les disciplines, l'approche réductionniste est donc nécessaire et inséparable de l'approche intégrée holistique. J'argumenterai donc sur l'intérêt d'établir une typologie des mécanismes de l'adaptation aux différentes échelles par l'articulation de recherches disciplinaires fortes.

retaux@inaf.cnrs-gif.fr

0169823452

Institut des Neurosciences Paris Saclay

Bâtiment 32-33 Avenue de la Terrasse. 91198 Gif-sur-Yvette

Evolution of the olfactory system in blind cavefish

Natural variations in sensory systems constitute adaptive responses to the environment. We have compared the development of the sensory placodes in the blind, cave-adapted morph and the eyed river-dwelling morph of the fish *Astyanax mexicanus*. Focusing on the lens and the olfactory placodes, we found a trade-off between these two sensory components in the two morphs : from neural plate stage onwards, cavefish have larger olfactory placodes and smaller lens placodes. Searching for the developmental mechanisms underlying cavefish sensory evolution, we analyzed the roles of Shh hyper-signaling from the ventral midline, Fgf8 heterochronic signaling from the rostral forebrain, and modifications in Bmp4 expression dynamics in the prechordal plate of cavefish embryos. Using pharmacological treatments and injections to interfere with these three signaling systems at the end of gastrulation, we establish a regulatory network in which the subtle modifications of Shh, Fgf8 and Bmp4 signaling in space and time in cavefish embryos explain the observed changes and trade-off in lens versus olfactory placode fate, and account for the observed size of their sensory derivatives. We suggest that such evolutionary developmental mechanisms may be used throughout vertebrates to drive adaptive sensory specializations according to lifestyles and habitats. Finally, we have started correlating the apparent olfactory specialization of cavefish with their olfactory performances in behavioral tests.

stefan.little@u-psud.fr

0676278399

Ecologie Systématique Evolution

Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud 91405 ORSAY Cedex

Integrating transcriptomes into the comparative floral evolution of magnoliids

Magnoliidae (4 orders, 20 families, ca. 10,000 spp.) are remarkably diverse in floral structure and represent a microcosm of floral evolution seen across angiosperms. The MAGNIPHY project aims to study floral evolution in Magnoliidae using a multidisciplinary approach integrating molecular phylogenetics, morphology, paleobotany, and transcriptomics. This effort includes generation of densely sampled phylogenetic hypotheses (199 species, 75% of genera, all families) dated using ten carefully reviewed fossil age constraints, trait reconstructions suggest that ancestrally, flowers of Magnoliidae had whorled, trimerous and differentiated perianth. In order to correlate floral gene expression patterns with floral morphology and our evolutionary reconstructions, we are sequencing whole-bud floral transcriptomes from representatives across Magnoliidae. So far, preliminary transcriptomic data from six families reveal several MADS-box genes as well as TCP transcription factors with elevated expression. MADS-box genes show high sequence similarity with genes of B, C, and E function, central in floral organ differentiation in model organisms (i.e., AGAMOUS, APETALA3, PISTILLATA, SEPALLATA). Since existing evo-devo hypotheses about floral morphology are primarily based on distantly related model plants, the integrative approach of the MAGNIPHY project should help improve our models of the mechanisms of floral diversification in Magnoliidae and the deeper splits in angiosperm evolution.

Floral symmetry shifted 204 times in angiosperms

The number of species in families of flowering plants ranges from 1 to more than 20,000, which is one of the symptoms of a highly uneven distribution of diversity in angiosperms. One of the commonly proposed factors in shaping this uneven distribution is the origin of key innovations, which are traits that give the clades possessing them a significant advantage over close relatives lacking them. Clades possessing such an advantage are assumed to produce more species per unit of time, with a consequence of being more speciose than their close relatives in present day. One generally accepted key innovation is floral zygomorphy (bilateral symmetry), which is considered advantageous over actinomorphy (radial symmetry) because zygomorphic flowers have more efficient pollen transfer via limiting pollinator approach angles. The presumed influence of zygomorphy on diversification rates has been argued mostly through the comparison of closely related clades with contrasting floral symmetry. This approach has ignored the broader picture in which many speciose angiosperm families are completely actinomorphic and the finer pattern of changes in floral symmetry. This observation has led us to question the extent to which floral zygomorphy can be considered a key innovation in angiosperms as a whole. To begin answering this question, we need to know where and how many times zygomorphy has originated in the angiosperm phylogeny. We recorded perianth symmetry from more than 700 species, selected to represent all 61 orders and 426 currently accepted families of angiosperms and to include all presumed origins of perianth zygomorphy. We then reconstructed the evolution of perianth symmetry on a consensus backbone tree, using parsimony. We found perianth zygomorphy in 31 orders and 108 families. There was a minimum of 124 origins, almost the double of what was previously estimated, and 80 reversals to actinomorphy. Among the origins, two were in magnoliids, 28 in monocots, 17 in basal eudicots, 32 in superrosids and 45 in superasterids. Among the reversals, 8 were in monocots, 4 in basal eudicots, 28 in superrosids and 40 in superasterids. Our next step will be to test the extent to which these shifts in floral symmetry are linked to shifts in species diversification.

rafael.ponce@u-psud.fr

0652137286

Ecologie Systématique Evolution

Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud 91405 ORSAY Cedex

Phylogenomics traces the ancestor of primary plastids back to an early branching cyanobacterium

Photosynthesis emerged in eukaryotes by the endosymbiosis of a cyanobacterium within a heterotrophic host. This gave rise to the supergroup called Archaeplastida, comprising Rhodophyta, Viridiplantae and Glaucophyta. The identity of the two partners involved in the primary endosymbiosis is still debated. Using available complete genome sequences and homemade genomic data, we performed phylogenomic analyses to infer the closest extant cyanobacterial relative of primary plastids. We assembled three concatenated datasets containing 102 plastid-encoded proteins, 118 nucleus-encoded proteins acquired via endosymbiotic gene transfer, and the plastid 16*S*+23*S* rRNA cluster, respectively. All our phylogenetic reconstructions strongly support that the ancestor of primary plastids was an early-branching cyanobacterium related to *Gloeomargarita lithophora*, the first cultured member of a recently discovered cyanobacterial lineage widely present in stromatolites and thermophilic microbial mats.

Small freshwater ecosystems harbour complex protist communities characterised by seasonal dynamics and resilience

Over the last decades, most of the studies investigating the diversity and dynamics of the small protists (cells 0.2-5 μ m in size) have been restricted to large freshwater ecosystems and marine environments because of the surface they represent on Earth. However, small continental aquatic systems (<0.1 km²) cover at least the same surface as larger freshwater bodies. They are numerous and characterised by a wide range of environmental conditions. We thus monitored the dynamics of the small protists for 2 years (April 2011 to April 2013) in five small freshwater systems differing in their environmental conditions and trophic status, including 4 ponds and one stream in the North-Western France. Their composition was determined based on 454-pyrosequencing of 18S rRNA genes. A large set of environmental parameters was measured concomitantly. Multivariate statistical analyses were used to explore the ecology of the small protists in these freshwater systems. The protist diversity was high with sequences affiliated to all recognized supergroups. New phylotypes were detected every month in all ecosystems. A few OTUs affiliated to taxa previously thought restricted to marine environments (e.g. group MAST-3) while other OTUs were only detected in freshwater systems (e.g. group HAP-1). The community composition differed among the five ecosystems over the 2-years survey, with only 50 OTUs from a total of 3,742 OTUs shared by the 5 ecosystems. A clear seasonal pattern was observed in each ecosystem despite a complex temporal dynamics of the high-rank taxa detected. Low-abundance OTUs represented the vast majority of the community and showed very different dynamics, appearing occasionally, remaining at low frequencies or instead reaching high frequencies. In addition, severe drought events occurred in one of the ponds and the stream for 1 to 5 months. Each time, the protist community showed a rapid resilience that occurred within a month after the recovery of the water level, with both community composition and structure being very similar to those observed prior to the drought event.

nicolas.pollet@egce.cnrs-gif.fr

0169823710

Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie

Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse 91198 Gif-sur-Yvette cedex

Phylogenetic and metabolic profiles of an amphibian gut microbiome

Amphibian decline in the wild is a global concern. Chemical pollutants acting on detoxification, endocrine and immune systems are some of the causes of this decline. Amphibian pathogens are another possible cause of decline. All amphibians are sensitive to environmental changes because the completion of their metamorphosis relies on delicate regulations of their neuroendocrine and immune systems.

We also know that all animals live in a world dominated by bacteria. In the last twenty years we have learned that commensal microbes are essential regulators of animal physiology and especially immunology. Yet we do not know much on amphibian gut microflora, wether in the tadpole or in the adult.

We set out to characterize the taxonomic and metabolic profiles of tadpole's gut microbiome in *Xenopus*, a laboratory model. We used metagenomic and metatranscriptomic approaches, completed by cytometry to unravel the microflora of the tadpole's gut during development. Our study will lay the foundation for future research on the response of the microbiome of natural amphibian populations to environmental changes.

aurelie.hua-van@egce.cnrs-gif.fr

0169823724

Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie

Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse 91198 Gif-sur-Yvette cedex

VHICA : A new method to discriminate between vertical and horizontal transposon transfer : application to the mariner family within *Drosophila*

Transposable elements TEs are genomic repeated sequences that display complex evolutionary patterns. They are usually inherited vertically, but can occasionally be transmitted between sexually-independent species, through so-called Horizontal Transposon Transfers (HTTs). HTT is supposed to be an essential step in the life cycle of TEs, which are otherwise destined for eventual decay. They can also have a great impact on the host genome evolution. However, the extent of HTTs in eukaryotes is largely unknown, due to the lack of efficient, statistically-supported methods that can be applied to multiple species sequence datasets. In the present study, we developed a new automated method available as a R package “VHICA”, that discriminates whether a given TE family was vertically or horizontally transferred. The method is well suited for whole genome sequences, and applicable to several TEs and species at the same time. We first validated our method using *Drosophila* TE families with well-known evolutionary histories, displaying both HTT and vertical transmission. We then tested 25 different lineages of mariner elements recently characterized in 20 *Drosophila* genomes, and found HTTs in 23 of them. Furthermore, several independent HTT events could often be detected within the same mariner lineage.

vanesa.sanchez@i2bc.paris-saclay.fr

0169823686

Institut de Biologie Intégrative de la Cellule

Batiment 22 Avenue de la Terrasse 91198 Gif-sur-Yvette FRANCE

Genomics and Diversity of Ni hyperaccumulation in plants

VS GARCIA DE LA TORRE and S. MERLOT

Nickel (Ni) is widely used metal in modern societies, but its mining has a strong impact on the environment and biodiversity.. Ni is an essential element but becomes toxic at high concentration for most living organisms. However, 400 plant species (42 families), called hyperaccumulators, found on serpentine (ultramafic) soil in Europe, New Caledonia and Cuba, are able to accumulate tremendous amount of Ni ($>0,1\%$ of dry weight) in their leaves. These plants receive a growing interest because of their potential use in Phytoremediation and Phytomining sustainable technologies and also because they can be used to understand the molecular mechanisms involved in Ni tolerance and hyperaccumulation and the evolution of these complex traits.

Our work aims to study the transcriptomes of evolutionary distant Ni hyperaccumulators to identify target genes and molecules important for Ni accumulation and study the evolution of these mechanisms in plants.

Using RNA-Seq strategy we generated original transcriptomes by 'de novo' assembly from *Noccaea* (Brassicaceae), *Psychotria* (Rubiaceae), *Geissois* (Cunoniaceae) and *Leucocroton* (Euphorbiaceae) genera found in France, New Caledonia and Cuba. Using these transcriptomes as references we compared gene expression between Ni hyperaccumulators and the closely related non-accumulator species

The first results of these analyses indicate that a family of metal transporter can be evolutionary linked Ni tolerance and hyperaccumulation in plants.

The results of our work will be valuable for the development of phytoremediation and phytomining technologies.

frederic.marion-poll@egce.cnrs-gif.fr

0169823756

Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie

Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse 91198 Gif-sur-Yvette cedex

Des substances amères pour protéger les plantes ?

Les insecticides permettent de lutter efficacement contre les insectes, et il est communément accepté que beaucoup d'espèces d'insectes s'y adaptent rapidement, soit en augmentant l'expression d'enzymes de détoxification comme des P450, soit grâce à des mutations du site d'action de la cible de la molécule active. Par exemple, une équipe de notre unité a montré chez *Drosophila simulans* que les populations de mouches exposées au DDT portent encore aujourd'hui un gène de résistance, ce qui suggère que le coût de ces résistances n'est pas forcément très élevé. Des collègues de l'université de Texas AM ont récemment décrit un autre mécanisme de résistance chez des blattes exposées à un insecticide associé à un piège alimentaire. Ces blattes résistantes ne sont pas plus résistantes à l'insecticide que des blattes issues de populations naturelles, mais le glucose qui est présent dans les pièges est devenu amer. Cette observation souligne le rôle que peuvent jouer le comportement et les organes sensoriels dans l'adaptation des insectes à des substances xénobiotiques. De manière plus générale, associer une substance insecticide à des substances amères ou répulsives semble plus pertinent que l'utilisation d'un insecticide seul à condition que les substances associées soit détectables sensoriellement. C'est en tout cas bien ce qui semble se passer chez les plantes sauvages qui sont souvent très riches en composés amers pour leur prédateurs et qui utiliseraient ainsi un aposématisme chimique.

l.chittka@qmul.ac.uk

+44(0)2078825555

Queen Mary University of London

Mile End Road London E1 4NS

Spatial memory in the economy of nature : bees as a model

Lars Chittka, Mathieu Lihoreau, Joe Woodgate, James Makinson, Nigel Raine, Jason Lim, Andy Reynolds

Central place foragers, such as pollinating bees, often develop circuits (traplines) to visit multiple foraging sites in a manner that minimizes overall travel distance. Despite being taxonomically widespread, these routing behaviours remain poorly understood due to the difficulty of tracking the foraging history of animals in the wild. Using radar tracking, we explore how bees develop and optimise foraging routes over large spatial scales. Stable traplines that linked together all the flowers in an optimal sequence were established after several dozen foraging bouts, during which time only a small portion of possible routes were tried. When the flower array was experimentally altered, bees engaged in localised search flights, a strategy that can facilitate the discovery of a new flower and its integration into a novel optimal trapline. Based on these observations, we developed and tested an iterative improvement heuristic to capture how bees could learn and refine their routes each time a shorter route is found. Our findings suggest that complex dynamic routing problems can be solved by small-brained animals using simple learning heuristics, without the need for a cognitive map.

Posters

ariane.gratias-weill@u-psud.fr

0688394103

Institute of Plant Science Paris-Saclay

Bat 630 Université Paris-Sud 91405 Orsay Cedex

Does pathogen infection have an impact of meiotic recombination in plants ?

Plants are continuously exposed to biotic stresses and have in turn developed resistance strategies to counteract pathogen attack. One of these mechanisms is based on resistance proteins (R) encoded by the plant genome, that specifically recognize pathogen effectors. The major class of R genes is constituted by NB-LRR genes. Most of them are organized in gene clusters that could favor sequence exchange between NB-LRR genes. This could contribute to R gene evolution dynamics.

Recently, several publications have suggested the existence of a Systemic Recombination Signal (SRS) that propagates in plant tissues after a pathogen infection and is associated with an increase of genomic instability in somatic cells in uninfected tissues. Moreover, in progeny of infected Tobacco, a higher frequency of chromosomal rearrangements has been described at loci that present homology with the N-gene LRR region. These scarce data suggest the existence of a link between the perception of a biotic stress and the production of genetic diversity.

In order to test if pathogen infection can increase DNA recombination in MEIOTIC cells, and particularly at NB-LRR loci, we used Fluorescent Tagged Lines of Arabidopsis. We measured the meiotic recombination rate in two regions of chromosome 5 after infection with the bacteria *Pseudomonas syringae* : in one interval containing a R-gene cluster and in one without. In both intervals, we have showed no significant difference of genetic recombination frequency between infected- and mock- inoculated plants.

remi.perronne@moulon.inra.fr

0169332345

Génétique Quantitative et Evolution - Le Moulon

Ferme du Moulon 91190 Gif-sur-Yvette

Evolution spatio-temporelle de la pression pathogène en blé tendre en France : étude de la coexistence des rouilles et de la septoriose

Rémi PERRONNE¹, Marie STETZLER¹, Jérôme ENJALBERT¹, Vincent CELLIER², Isabelle GOLDRINGER¹, Nicolas TURENNE³, Jean-Noël AUBERTOT⁴

Mots-clés : rouille jaune (*Puccinia striiformis* f.sp. *tritici*), rouille brune (*Puccinia recondita* f. sp. *tritici*), septoriose (*Mycosphaerella graminicola*), analyse en composantes principales (ACP), avertissements agricoles, bilans de campagne.

De nombreux modèles de développement des différents pathogènes foliaires majeurs du blé ont été créés au cours des dernières décennies, ayant pour objectif d'estimer la dynamique de croissance du pathogène, ainsi que les risques liés à celle-ci à une échelle spatio-temporelle fine. Parallèlement, l'évolution de la pression d'une gamme de pathogènes coexistant au sein d'une culture à l'échelle de plusieurs décennies n'a été que peu étudiée jusqu'à présent.

En France, les Services de la Protection des Végétaux qui rédigeaient les Avertissements Agricoles, présentaient chaque année et dans chaque région, un bilan de campagne ayant pour objectif de caractériser les stress biotiques observés au cours du cycle cultural écoulé, parmi lesquels la rouille jaune (*Puccinia striiformis* f.sp. *tritici*), la rouille brune (*Puccinia recondita* f. sp. *tritici*) et la septoriose (*Mycosphaerella graminicola*) pour la culture de blé tendre (*Triticum aestivum*).

La plateforme PESTOBSERVER (<http://pestobserver.eu>) donne, depuis peu, accès aux Avertissements Agricoles et aux données qu'ils contiennent. Dans le cadre de cette étude, nous nous sommes focalisés sur l'évolution spatio-temporelle de la pression de rouille jaune entre 1996 et 2006 à échelle régionale, puis nous avons comparé cette l'évolution à celle de la rouille brune et de la septoriose afin d'identifier d'éventuelles corrélations entre les niveaux d'attaque des différents pathogènes. Dans un premier temps, la ré-interprétation des bilans de campagne a nécessité une double lecture des documents afin d'identifier les informations clés. Le niveau d'attaque indiqué dans ceux-ci, distinguant 7 classes, a été comparé aux informations relatives à l'expression de la maladie foliaire au cours de l'ensemble du cycle cultural, tenant compte des informations variétales lorsque celles-ci étaient disponibles. Puis, sur la base d'une analyse multivariée, nous avons pu

1. INRA, UMR 0320 Génétique Quantitative et Evolution - Le Moulon, 91 190 Gif-sur-Yvette, France

2. INRA, UE 0115 Unité Expérimentale du domaine d'Epoisses, 21110 Bretenière, France

3. INRA, Université Paris Est, LISIS, INRA, 77454 Marne-La-Vallée, France

4. INRA, UMR 1248 AGIR (Agroécologies, Innovations et Ruralités), 31 326 Castanet Tolosan, France

identifier quatre groupes de régions ayant présenté des profils de pressions pathogènes distincts pour la rouille jaune au cours de la période d'étude. Une procédure de comparaison des profils de pression a par ailleurs permis d'identifier une absence de corrélation entre les niveaux d'attaque des trois pathogènes étudiés dans toutes les régions, à l'exception des régions Midi-Pyrénées et Aquitaine qui ont présenté un risque d'attaque moyen à fort pour les trois pathogènes entre 1996 et 2000.

Pour conclure, la réinterprétation des Avertissements Agricoles constitue une source précieuse d'information, contribuant à la compréhension des profils de coexistence entre bioagresseurs des cultures à l'échelle de plusieurs décennies. Pour la suite de l'étude, l'analyse des patrons de coexistence s'appuiera sur une modélisation tenant compte des préférences climatiques de chaque pathogène. Par ailleurs, d'autres pathogènes foliaires et des épis seront étudiés.

emma.forst@moulon.inra.fr

0169332347

Génétique Quantitative et Evolution - Le Moulon

Ferme du Moulon 91190 Gif-sur-Yvette

Sélection pour l'aptitude à la culture en mélange

Doctorante en première année à l'INRA du Moulon (GQE -Le Moulon), je souhaite présenter un poster sur mes premiers résultats concernant le développement de méthodes de sélection pour les mélanges pluri-génotypiques de blé tendre.

Le projet vise à utiliser la diversité génétique cultivée intra-parcelle comme un levier pour développer et soutenir les pratiques agro-écologiques dans le contexte d'un accroissement de la stochasticité climatique inter-annuelle et de la réduction des intrants.

En effet, la diversité génétique intra-parcelle (mélange de génotypes) présente un intérêt agronomique (stabilité du rendement et de la qualité) et fournit des services de régulation biologiques tels que la réduction des maladies. Cependant les variétés utilisées pour la culture en mélange ont été sélectionnées en conditions de culture pure et sont souvent assemblées sur les seuls critères de résistances aux maladies et d'homogénéité des phénologies. Il est alors possible d'optimiser l'assemblage des variétés dans les mélanges en prenant en compte d'autres critères d'association et en développant des méthodes de sélection spécifiques pour la culture en mélange.

Pour cela, des méthodes de sélection sont développées et évaluées afin de favoriser l'aptitude à l'association des génotypes (par opposition à leur performance en pur). L'élaboration de telles stratégies de sélection repose sur la mobilisation de théories en génétique quantitatives développées initialement pour raisonner l'aptitude à la combinaison dans le cas des hybrides et adaptées ultérieurement pour traiter de l'aptitude à l'association. Un modèle statistique a été développé pour estimer les effets de compétitions entre les génotypes en plus de leur potentiel de production en culture pure.

Ce travail méthodologique s'appuie sur des expérimentations réalisées dans un dispositif en rangs alternés ainsi qu'en culture pure. Il a permis de mettre en évidence les variables reflétant la compétition et d'identifier les génotypes qui ont un comportement intéressant en compétition.

aurelien.saghai@u-psud.fr

0169156115

Ecologie Systématique Evolution

Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud 91405 ORSAY Cedex

Metagenome-based diversity analyses suggest a significant contribution of non-cyanobacterial lineages to carbonate precipitation in modern microbialites

Microbialites are organosedimentary structures whose formation is influenced by the metabolic activity of phylogenetically diverse microbial communities. Microbialites are today found in a restricted number of environments where the conditions (e.g. high alkalinity, saturation in specific elements) are favorable to the precipitation of minerals, notably carbonate. Cyanobacteria are thought to play a key role in carbonate precipitation due to their metabolic activity, but other organisms carrying out oxygenic photosynthesis (photosynthetic eukaryotes) or other metabolisms (e.g. anoxygenic photosynthesis, sulfate reduction), may also contribute to carbonate formation.

We studied the microbial diversity of microbialites from the Alchichica crater lake (Mexico) by mining for 16S/18S rRNA genes in metagenomes obtained by direct sequencing of environmental DNA. We studied samples collected at the Western (AL-W) and Northern (AL-N) shores of the lake and, at the latter site, along a depth gradient (1, 5, 10 and 15 m depth). The associated microbial communities were mainly composed of bacteria, whereas archaea were negligible. Eukaryotes composed a relatively minor fraction dominated by photosynthetic lineages. Although cyanobacteria were the most important bacterial group contributing to the carbonate precipitation potential, photosynthetic eukaryotes, anoxygenic photosynthesizers and sulfate reducers were also very abundant. Multivariate statistical analyses showed a strong positive correlation of two cyanobacterial groups (Pleurocapsales and Chroococcales) with aragonite formation at macroscale, suggesting a potential causal link. Despite the previous identification of intracellularly calcifying cyanobacteria in Alchichica microbialites, most carbonate precipitation seems extracellular in this system.

julie.borg@moulon.inra.fr

0169153488

Génétique Quantitative et Evolution-Le Moulon

Ferme du Moulon 91190 Gif-sur-Yvette

Wheatamix, intérêt des mélanges variétaux de blé tendre dans le bassin parisien

WHEATAMIX se focalise sur la céréale la plus importante du Bassin parisien, le blé, dans le but de mieux évaluer si la diversité génétique intra-parcellaire permet de renforcer la multi-fonctionnalité et la résilience des agro-écosystèmes, dans le contexte de changement global. Ce projet de recherche multi-disciplinaire étudie l'impact de la diversité intra-spécifique sur la stabilité des rendements et autres services écosystémiques (régulation des maladies, fertilité des sols, conservation de la biodiversité) rendus à l'échelle de la parcelle. L'analyse des liens entre groupes de services et les traits des variétés, ainsi que l'étude des compromis entre services permettra de comprendre l'impact de la diversité génétique pilotée sur le fonctionnement agroécologique d'une parcelle, en intégrant la biodiversité sauvage associée.

julien.fumey@egce.cnrs-gif.fr

0169823759

Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie

Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse 91198 Gif-sur-Yvette cedex

Tempo and mode in *Astyanax mexicanus* cavefish evolution : a population genomic reappraisal

Les populations cavernicoles aveugles de Tetra du Mexique (*Astyanax mexicanus*) sont d'excellents modèles pour étudier l'évolution. En effet, la convergence phénotypique de populations qui ont évolué indépendamment pour s'adapter à un même environnement cavernicole permet d'étudier si l'évolution de phénotypes similaires implique la fixation de variation génétique préexistante et/ou de mutations de novo.

Nous avons utilisé une approche de génomique des populations afin d'estimer le temps d'évolution de la population cavernicole Pachón, qui est considérée comme étant une des plus anciennes et des plus isolées.

Nous avons comparés les taux de polymorphismes et de substitutions dans les transcriptomes de cette population et d'une population de surface provenant du Texas et en utilisant le Tetra de Buenos Aires (*Hyphessobrycon anisitsi*) comme groupe externe. Nous avons identifié un polymorphisme plus important dans les populations de surface ce qui suggèrent, comme attendu, une plus grande taille efficace de cette population. Nous avons également identifié un plus grand taux de substitutions chez la population cavernicole, qui peut également s'expliquer par sa taille réduite permettant une fixation plus rapides des allèles dérivés présent dans la population ancestrale. Mais ce résultat implique également que la population Pachón est bien plus jeune qu'estimée jusqu'alors. La comparaison de ces données avec des simulations suggère que cette population serait apparue il y a moins de 30 000 ans. Ce nouveau cadre temporel ainsi que d'autres résultats indique que l'évolution de ce phénotype cavernicole implique principalement la fixation de variations préexistantes dans les populations de surface, et ce dans une courte période de temps.

Populations of blind cavefish belonging to the Mexican tetra species *Astyanax mexicanus* are outstanding models to study evolution because the phenotypic convergence of independently-evolved and cave-adapted populations allows questioning whether the evolution of similar phenotypes involved the fixation of standing genetic variation and/or de novo mutations. In order to estimate the time frame of the evolution of the Pachón cave population which is considered as one of the "oldest" and most isolated cave population, we applied a population genomics approach.

We compared polymorphisms and substitution rates in the transcriptomes of Pachón cavefish

and surface fish from San Solomon Spring in Texas, using the Buenos Aires tetra (*Hyphessobrycon anisitsi*) as an outgroup. The higher polymorphism in the surface population suggests, as expected, that its effective population size is larger. We found a higher substitution rate in cavefish than in surface fish, also in accordance with a smaller cavefish population size that allowed a more rapid fixation of derived alleles present in the ancestral population, but it implies that the Pachón cave population is much “younger” than previously estimated. The comparison of these data with simulations suggests that this cavefish population has probably spent less than 30,000 years underground. This new time frame, together with other evidence, indicate that evolution of cave phenotypes mainly involved the fixation of cryptic genetic variants present in surface fish populations within a short period of time.

tatiana.giraud@u-psud.fr

0169155669

Ecologie Systematique Evolution

Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud 91405 ORSAY Cedex

- Chaos of rearrangements and degeneration in the mating-type chromosomes of the anther-smut fungus.
- Transferts horizontaux massifs de gènes entre champignons *Penicillium* lors de la domestication pour la production de fromage.
- Anthropogenic and natural drivers of gene flow in a temperate wild fruit tree : a basis for conservation and breeding programs in apples.

Etude d'un pesticide naturel, l'azadirachtine ou Neem-A zal, sur les capacités reproductives d'un insecte non cible

L'azadirachtine, dérivé du margousier (*Azadirachta indica*) est classiquement utilisée en médecine traditionnelle en Asie et en Afrique. Son activité biologique est assez large puisqu'elle agit comme un immuno-stimulant, sur l'hypoglycémie, a des actions antibiotique, anti-inflammatoire, contraceptive et possède aussi une action insecticide. Ce pesticide naturel est très efficace sur les ravageurs des cultures, mais dans la littérature on trouve des notes récentes contradictoires vis-à-vis de son action envers les organismes non-cibles. L'azadirachtine agit comme un antagoniste de l'hormone juvénile (JH) et du 20-hydroxyecdysone (20E), mais son mécanisme d'action reste encore inconnu.

L'objectif de l'étude est de déterminer les effets du Neem-Azal (formulation commerciale à 1% azadirachtine) sur la reproduction (fécondité, fertilité, nombre de cystes et d'ovocytes) des mâles et des femelles de *Drosophila melanogaster*. Après applications topiques sur des larves nouvellement empupées à des doses létales 25 et 50, qui correspondent aux concentrations utilisées en agronomie, nous avons réalisé chez les adultes survivants (contrôles et traités) la fertilité et la fécondité dans toutes les conditions de croisement (mâles et femelles DL25 et DL50).

Les résultats montrent que le Neem-Azal réduit considérablement la fertilité et la fécondité dans tous les cas sauf dans celui de femelles contrôles accouplées avec des mâles DL25. De plus, les adultes provenant de pupes traitées à la DL50 montrent une diminution significative du nombre de cystes chez les mâles et d'ovocytes chez les femelles après émergence. Ce résultat peut expliquer la diminution de la fertilité et de la fécondité observée chez les adultes.

Ainsi, l'azadirachtine, appliquée de façon ponctuelle, a une action retard sur les capacités reproductives de jeunes adultes d'insectes non-cible, ce qui peut avoir des conséquences rapides sur la faune sauvage. Les mécanismes d'action restent à préciser.

Participants

Communications & Posters

Beatrice ALBERT

beatrice.albert@u-psud.fr
0169156529
Ecologie Systématique et Evolution
Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud
91405 Orsay Cedex

Dubiel ALFONSO GONZALEZ

dubielg@unah.edu.cu
0169823793
Universidad Agraria de La Habana (Cuba)
C/O I2BC, Bat.22, Avenue de la terrasse
91190 Gif-sur-Yvette

Moussab ALRAJEH

entmorajeh@hotmail.fr
0602303446
Institut des Neurosciences Paris-Saclay
Bâtiment 32-33 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette

François ANDRE

francois.andre@cea.fr
0169084432
Institut de Biologie Intégrative de la Cellule
CEA-Saclay Bt 528
91198 Gif-sur-Yvette cedex

Sylvie ARNAISE

sylvie.arnaise@u-psud.fr
0169155664
Ecologie Systématique et Evolution
Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud
91405 Orsay Cedex

Sylvie AULARD-WIDEMANN

sylvie.aulard@egce.cnrs-gif.fr
0169823735
Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie
Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette cedex

Emmanuelle BAUDRY

emmanuelle.baudry@u-psud.fr

Ecologie Systématique et Evolution
Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud
91405 Orsay Cedex

Arnaud BECHELER

arnaud.becheler@egce.cnrs-gif.fr
0615565175
Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie
Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette cedex

Michael BENSaid

michael.bensaid@inaf.cnrs-gif.fr
01693095510686409420
Institut des Neurosciences Paris-Saclay
Bâtiment 32-33 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette

Paola BERTOLINO

paola.bertolino@u-psud.fr
0169156342
Ecologie Systématique et Evolution
Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud
91405 Orsay Cedex

Mélisande BLEIN-NICOLAS

melisande.blein@moulon.inra.fr
0169156806
Génétique Quantitative et Evolution-Le Moulon
Ferme du Moulon
91190 Gif-sur-Yvette

Maryline BLIN

maryline.blin@inaf.cnrs-gif.fr
0169824129
Institut des Neurosciences Paris-Saclay
Bat 32 Avenue de la terrasse
91198 Gif-sur-Yvette

Monique BOLOTIN-FUKUHARA

monique.bolotin@u-psud.fr
0169156201
Génétique Quantitative et Evolution-Le Moulon
Bat 400 Université Paris-Sud
91405 Orsay Cedex

Magalie BONNEAU

magalie.bonneau@egce.cnrs-gif.fr
0612080655
Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie
Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette cedex

Eric BONNIVARD

eric.bonnivard@upmc.fr
0144277868
Institut de Biologie Paris Seine
Université Pierre et Marie Curie 7-9 Quai Saint
Bernard
75005 Paris

Julie BORG

julie.borg@moulon.inra.fr
0169153488
Génétique Quantitative et Evolution-Le Moulon
Ferme du Moulon
91190 Gif-sur-Yvette

Sara BRANCO

sara.mayer.branco@gmail.com
0783511623
Ecologie Systématique et Evolution
Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud
91405 Orsay Cedex

Paul-andré CALATAYUD

paul-andre.calatayud@egce.cnrs-gif.fr
0169823741
Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie
Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette cedex

Claire CAPDEVIELLE

claire.capdevielle-dulac@egce.cnrs-gif.fr
0169823738
Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie
Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette cedex

Pierre CAPY

pierre.capy@u-psud.fr
0169823709
Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie
Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette cedex

Yves CARTON

carton@egce.cnrs-gif.fr

0169823711

Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie
Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette cedex

François CHIRON

francois.chiron@agroparistech.fr

0625837390

Ecologie Systématique et Evolution
Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud
91405 Orsay Cedex

Lars CHITTKA

l.chittka@qmul.ac.uk

+44(0)2078825555

Queen Mary University of London
Mile End Road London E1 4NS

Hanna CHOLE

hanna.chole@egce.cnrs-gif.fr

0680005542

Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie
Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette cedex

Gaelle CLAISSE

gaelle.claisse@egce.cnrs-gif.fr

0169823721

Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie
Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette cedex

Isabelle CLAVEREAU

isabelle.clavereau@egce.cnrs-gif.fr

0169823707

Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie
Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette cedex

Natalia CONDE E SILVA

natalia.conde-e-silva@u-psud.fr

0169153411

Génétique Quantitative et Evolution - Le Moulon
Ferme du Moulon
91190 Gif-sur-Yvette

Jean-Luc DA LAGE

jean-luc.da-lage@egce.cnrs-gif.fr

0169823727

Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie
Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette cedex

Catherine DAMERVAL

damerval@moulon.inra.fr

0169332366

Génétique Quantitative et Evolution-Le Moulon
Ferme du Moulon
91190 Gif-sur-Yvette

Claire DAMESIN

claire.damesin@u-psud.fr

0169155679

Ecologie Systématique et Evolution
Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud
91405 Orsay Cedex

Jean DAVID

jean.david@egce.cnrs-gif.fr

0169823713

Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie
Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette cedex

Dominique DE VIENNE

devienne@moulon.inra.fr

0677799431

Génétique Quantitative et Evolution - Le Moulon
Ferme du Moulon
91190 Gif-sur-Yvette

Béatrice DENIS

beatrice.denis@egce.cnrs-gif.fr

0169823743

Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie
Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette cedex

Yves DEVEAUX

yves.deveaux@u-psud.fr

0169153396

Génétique Quantitative et Evolution - Le Moulon
Ferme du Moulon
91190 Gif-sur-Yvette

Christine DILLMANN

dillmann@moulon.inra.fr

0169332348

Génétique Quantitative et Evolution - Le Moulon
Ferme du Moulon
91190 Gif-sur-Yvette

Emilie DUMAS

emilie.dumas@u-psud.fr

0169155664

Ecologie Systématique et Evolution
Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud
91405 Orsay Cedex

Stéphane DUPAS

dupas@egce.cnrs-gif.fr

0169823725

Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie
Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette cedex

Jean-Bernard EMOND

jean-bernard.emond@egce.cnrs-gif.fr

0169823726

Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie
Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette cedex

Matthieu FALQUE

falque@moulon.inra.fr

0169332364

Génétique Quantitative et Evolution - Le Moulon
Ferme du Moulon
91190 Gif-sur-Yvette

Alice FEURTEY

alice.feurtey@u-psud.fr

0169157282

Ecologie Systématique Evolution
Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud
91405 Orsay Cedex

Emma FORST

emma.forst@moulon.inra.fr
0169332347
Génétique Quantitative et Evolution - Le Moulon
Ferme du Moulon
91190 Gif-sur-Yvette

Taiadjana FORTUNA

taiadjana.fortuna@u-psud.fr
0169157049
Ecologie Systematique Evolution
Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud
91405 Orsay Cedex

Alice FOURNIER

alicefournier16@gmail.com
0625041905
Ecologie Systematique Evolution
Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud
91405 Orsay Cedex

Chantal FRESNEAU

chantal.fresneau@u-psud.fr
0169154835
Ecologie Systematique Evolution
Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud
91405 Orsay Cedex

Julien FUMEY

julien.fumey@egce.cnrs-gif.fr
0169823759
Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie
Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette cedex

Isabelle GERMON

isabelle.germon@egce.cnrs-gif.fr
0169823721
Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie
Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette cedex

Tatiana GIRAUD

tatiana.giraud@u-psud.fr
0169155669
Ecologie Systematique Evolution
Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud
91405 Orsay Cedex

Ariane GRATIAS-WEILL

ariane.gratias-weill@u-psud.fr
0688394103
Institute of Plant Science Paris-Saclay
Bat 630 Université Paris-Sud
91405 Orsay Cedex

Aurelie HUA-VAN

aurelie.hua-van@egce.cnrs-gif.fr
0169823724
Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie
Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette cedex

Isabelle HUE

isabelle.hue@jouy.inra.fr
0134652567
INRA Jouy-en-Josas
Centre INRA Domaine de Vilvert bat 230
78350 Jouy-en-Josas

Eugenie HUILLET

eugenie.huillet@jouy.inra.fr
0134652861
Institut Micalis INRA Jouy-en-Josas
Centre INRA Domaine de Vilvert bat 230
78350 Jouy-en-Josas

Ludwig JARDILLIER

ludwig.jardillier@u-psud.fr
0169154991
Ecologie Systématique Evolution
Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud 91405
Orsay Cedex

Dominique JOLY

dominique.joly@egce.cnrs-gif.fr
0678137171
Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie
Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette cedex

Marlène LAMOTHE-SIBOLD

marlene.lamothé@u-psud.fr
0169153378
Institute of Plant Science Paris-Saclay
Bt 630, Université Paris Sud
91405 Orsay

Francoise LAMY

francoie.lamy@u-psud.fr
0169156728
Ecologie Systématique Evolution
Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud
91405 Orsay Cedex

Olivier LANGELLA

olivier.langella@moulon.inra.fr
0169332368
Génétique Quantitative et Evolution - Le Moulon
Ferme du Moulon
91190 Gif-sur-Yvette

Gwendal LATOUCHE

gwendal.latouche@u-psud.fr
0169155695
Laboratoire Ecologie Systématique et Evolution
Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud
91405 Orsay Cedex

Philippe LE GALL

philippe.le-gall@ird.fr
0169823750
Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie
Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette cedex

Stéphanie LE PRIEUR

stephanie.le-prieur@u-psud.fr
0169157049
Ecologie Systématique Evolution
Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud
91405 Orsay Cedex

Arnaud LE ROUZIC

lerouzic@egce.cnrs-gif.fr
0169823765
Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie
Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette cedex

Jane LECOMTE

jane.lecomte@u-psud.fr
0169157657
Ecologie Systématique Evolution
Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud
91405 Orsay Cedex

Hélène LEGOUT

helene.legout@egce.cnrs-gif.fr
0169823719
Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie
Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette cedex

Judith LEGRAND

judith.legrand@moulon.inra.fr
0169332349
Génétique Quantitative et Evolution - Le Moulon
Ferme du Moulon
91190 Gif-sur-Yvette

Stefan LITTLE

stefan.little@u-psud.fr
0676278399
Ecologie Systématique Evolution
Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud
91405 Orsay Cedex

Ying Chu LOPEZ GARCIA

ying-chu.lo@u-psud.fr
0169155669
Ecologie Systématique Evolution
Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud
91405 Orsay Cedex

Puri LOPEZ GARCIA

puri.lopez@u-psud.fr
0169157608
Ecologie Systématique Evolution
Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud
91405 Orsay Cedex

Domenica MANICACCI

manicacci@moulon.inra.fr
0169332361
Génétique Quantitative et Evolution - Le Moulon
Ferme du Moulon
91190 Gif-sur-Yvette

Elodie MARCHADIE

elodie.marchadier@u-psud.fr
0671829744
Génétique Quantitative et Evolution - Le Moulon
Ferme du Moulon
91190 Gif-sur-Yvette

Frédéric MARION-POLL

frederic.marion-poll@egce.cnrs-gif.fr
0169823756
Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie
Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette cedex

Olivier MARTIN

olivier.martin@moulon.inra.fr
0169332336
Génétique Quantitative et Evolution - Le Moulon
Ferme du Moulon
91190 Gif-sur-Yvette

Nicolas MAZURAS

nicolas.mazuras@inaf.cnrs-gif.fr
0620810277
Institut des Neurosciences Paris-Saclay
Bâtiment 32-33 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette

Sylvain MERLOT

sylvain.merlot@i2bc.paris-saclay.fr
0169823793
Institut de Biologie Intégrative de la Cellule
Bat. 22 Avenue de la Terrasse
91190 Gif-sur-Yvette

Frederic MERY

frederic.mery@egce.cnrs-gif.fr
0169823732
Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie
Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette cedex

Catherine MONTCHAMP-MOREAU

catherine.montchamp@egce.cnrs-gif.fr
0169823720
Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie
Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette cedex

Céline MORENO

celine.moreno@egce.cnrs-gif.fr
0169823754
Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie
Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette cedex

Florence MOUGEL

florence.mougel-imbert@egce.cnrs-gif.fr
0169823719
Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie
Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse 91198
Gif-sur-Yvette cedex

Isabelle NAAS

isabelle.naas@jouy.inra.fr
0677266929
Institut Micalis INRA Jouy-en-Josas
Centre INRA Domaine de Vilvert
78352 Jouy-en-Josas

Abdel Kader NAINO JIKA

kader.naino@u-psud.fr
0781782086
Ecologie Systématique Evolution
Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud
91405 Orsay Cedex

Véronique NORMAND

veronique.normand@u-psud.fr
0169156730
Ecologie Systématique Evolution
Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud
91405 Orsay Cedex

Sylvie NORTIER

sylvie.nortier@egce-cnrs-gif.fr
0169823716
Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie
Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette cedex

David OGEREAU

david.ogereau@egce.cnrs-gif.fr
0169823739
Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie
Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette cedex

Malika OUASSOU

malika.ouassou@u-psud.fr
0617947536
Ecologie Systématique Evolution
Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud
91405 Orsay Cedex

Christian PARISOD

christian.parisod@unine.ch
41327182344
Evolutionary Botany
11 rue Emile-Argand CH-2000 Neuchâtel

Rémi PERRONNE

remi.perronne@moulon.inra.fr
0169332345
Génétique Quantitative et Evolution - Le Moulon
Ferme du Moulon
91190 Gif-sur-Yvette

Yohan PILLON

yohan.pillon@gmail.com

Nicolas POLLET

nicolas.pollet@egce.cnrs-gif.fr
0169823710
Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie
Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette cedex

Manon REGNIER

manonregnier@msn.com
0169823721
Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie
Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse 91198 Gif-sur-Yvette cedex

Sylvie RéTAUX

retaux@inaf.cnrs-gif.fr
0169823452
Institut des Neurosciences Paris Saclay
Bâtiment 32-33 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette

Elisabeth REYES

elisabeth.reyes@u-psud.fr
0678112156
Ecologie Systématique Evolution
Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud
91405 Orsay Cedex

Thierry ROBERT

thierry.robert@u-psud.fr
0169157989
Ecologie Systématique Evolution
Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud
91405 Orsay Cedex

Emilie ROBILLARD

emilie.robillard@egce.cnrs-gif.fr
0169823707
Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie
Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette cedex

Aurélien SAGHAI

aurelien.saghai@u-psud.fr
0169156115
Ecologie Systématique Evolution
Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud
91405 Orsay Cedex

Vanesa SANCHEZ

vanesa.sanchez@i2bc.paris-saclay.fr
0169823686
Institut de Biologie Intégrative de la Cellule
Batiment 22 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette FRANCE

Khawla SEDDIKI

khawla.seddiki@egce.cnrs-gif.fr
0169332351
Institut Diversité Ecologie et Evolution du Vi-
vant
Bat 13, avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette cedex

Biradar SIDDANAGOUDA

siddureddy2988@yahoo.com
0666231771
Unité de Recherche en Génomique Végétale INRA
Génopole 91000 Evry

Alodie SNIRC

alodie.snirc@u-psud.fr
0169157049
Ecologie Systématique Evolution
Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud
91405 Orsay Cedex

Delphine STEINBACH

delphine.steinbach@moulon.inra.fr
0169153597
Génétique Quantitative et Evolution -Le Mou-
lon
Ferme du Moulon
91190 Gif-sur-Yvette

Kamil SZAFRANSKI

kamil.szafranski@u-psud.fr
0787189042
Ecologie Systématique Evolution
Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud
91405 Orsay Cedex

Maud TENAILLON

tenaillon@moulon.inra.fr
0169332334
Génétique Quantitative et Evolution -Le Mou-
lon
Ferme du Moulon
91190 Gif-sur-Yvette

Serafino TESEO

serafinoteseo@yahoo.it
0169823732
Evolution, Génomes, Comportement, Ecologie
Bâtiment 13 Avenue de la Terrasse
91198 Gif-sur-Yvette cedex

Camille THOMAS-BULLE

camille.thomas.bulle@gmail.com
0635197855
Université Pierre et Marie Curie
Université Pierre et Marie Curie 7-9 Quai Saint
Bernard
75005 Paris

Hélène TIMPANO

h.timpano@u-psud.fr
0169156342
Ecologie Systématique Evolution
Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud
91405 Orsay Cedex

Marie VAUGOYEAU

marie.vaugoyeau@gmail.com
0677017487
Ecologie Systématique Evolution
Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud
91405 Orsay Cedex

Jonathan WEITZMAN

jonathan.weitzman@univ-paris-diderot.fr
0608240009
Epigenetics and Cell Fate
Université Paris Diderot
75013 Paris

Souad YAHYAWI

yahyawisad@hotmail.com
27715724
Alger
Algérie

Qian ZHANG

angihanqzbeast@gmail.com, angibeast@163.com
, angibeast@outlook.com
0169154991
Ecologie Systématique Evolution
Bâtiment 360 et 362 Université Paris Sud
91405 Orsay Cedex

Michel ZIVY

zivy@moulon.inra.fr
0169332365
Génétique Quantitative et Evolution - Le Mou-
lon
Ferme du Moulon
91190 Gif-sur-Yvette