



AVIS DE SOUTENANCE D'HABILITATION A DIRIGER DES RECHERCHES

Monsieur Joris BERTRAND

Soutiendra publiquement son habilitation à diriger des recherches
section CNU 67 : Biologie des populations et écologie

Le 30 juin 2022 à 13h30
Université de Perpignan Via Domitia
52 av. Paul Alduy - 66860 Perpignan
Amphithéâtre 5

Sujet des travaux :

De la recherche fondamentale sur les bases génomiques de la diversification du vivant à des initiatives appliquées de gestion de la biodiversité : contribution au développement d'approches plus intégratives

Résumé :

La compréhension de l'évolution des populations et des espèces passe par l'étude des liens entre les génotypes, les phénotypes qu'ils déterminent et la *fitness* que ces derniers confèrent à un individu donné. Historiquement, l'écologie et l'évolution s'est principalement attelée à décrypter les liens entre variation phénotypique et *fitness*, souvent en considérant les bases génétiques de la variation phénotypique comme une « boîte noire » dont l'accès était hors d'atteinte. Au mieux, le génotype était considéré comme un marqueur pour expliquer les patrons de distribution géographique de la variation phénotypique et éventuellement pour retracer l'histoire des populations et des espèces. La biologie fonctionnelle s'est quant à elle plutôt focalisée sur l'étude des mécanismes par lesquels le génotype façonnait le phénotype. Or faire le lien entre phénotype et *fitness* dans un contexte réaliste peut nécessiter une étude de la performance de ces phénotypes (et des génotypes qui les déterminent) en populations naturelles. L'avènement des approches dites « -omiques » a, en partie permis de lever les verrous technologiques qui ont longtemps freiné la mise en place d'une recherche résolument intégrative. Or, en dépit de cette révolution dans le domaine des sciences du vivant, trouver des modèles biologiques pertinents pour mettre en place ce type de recherche demeure un défi majeur. Dans certains cas, un modèle peut paraître tout à fait approprié pour travailler en population naturelles mais ses caractéristiques intrinsèques limitent la possibilité d'accéder à l'intégralité de l'information génomique et/ou de son utilisation en conditions contrôlées. Dans d'autres cas, le modèle a tout du



candidat idéal en conditions expérimentales mais présente des limites concernant la validation de la pertinence des phénotypes en populations naturelles. Le modèle biologique parfait n'existant tout simplement pas, je propose dans ce manuscrit à la fois un retour d'expérience personnel et une feuille de route à propos de pistes possibles pour entreprendre et mener une recherche intégrative et potentiellement fructueuse pour inférer ces liens entre génotypes phénotypes et *fitness* et mieux appréhender les processus qui sous-tendent l'émergence et le maintien de la diversité biologique.

Membres du jury :

M. Ivan SCOTTI	Directeur de Recherche – INRAE – Rapporteur
Mme Chloé DELMAS	Chargée de Recherches – INRAE – Rapporteur
M. Maxime BONHOMME	Maître de conférences – Université Toulouse 3 - Rapporteur
Mme Stéphanie MANEL	Professeure des Universités – EPHE – Membre du jury
M. Jérôme BOISSER	Professeur des Universités – Université de Perpignan – Membre du jury