

Résumé

Contexte

Depuis "L'origine des espèces" de Darwin, le processus de spéciation a suscité un intérêt constant. Les radiations adaptatives, telles que celles que l'on trouve chez les cichlidés, se sont avérées être, depuis des décennies, des systèmes modèles idéals pour étudier ce phénomène. En effet, l'étude des cichlidés a fourni des informations précieuses sur les mécanismes géographiques, écologiques et comportementaux qui déterminent la spéciation.

Le développement de nouvelles technologies de séquençage a donné un nouvel élan à ce domaine, en particulier depuis que des génomes annotés de cichlidés sont disponibles. À ce jour, les techniques récemment mises au point qui permettent d'explorer les questions d'évolution génomique chez les cichlidés ont pour la plupart été utilisées pour relier les gènes aux changements phénotypiques observés qui sont si caractéristiques des groupes d'espèces de cichlidés africains. Cependant, bien moins d'études ont tenté d'appliquer les outils génomiques à l'étude du comportement des cichlidés. Comme plusieurs espèces de cichlidés des Grands Lacs d'Afrique de l'Est coexistent et peuvent facilement s'hybrider, on estime que les mécanismes comportementaux sont parmi les principaux moteurs du processus de spéciation.

Objectifs

Nous étudierons les barrières entre des espèces en utilisant genre de cichlidés du lac Tanganyika, *Ophthalmotilapia*, comme modèle. Pour ce genre, les différentes espèces : *O. nasuta*, *O. boops*, *O. ventralis* et *O. heterodonta*, sont connues pour coexister et s'hybrider dans la nature. Les espèces d'*Ophthalmotilapia* ont toutes un dimorphisme sexuel prononcé. Elles sont des incubateurs buccaux maternelles et présentent un rituel d'accouplement complexe et élaboré. Pour ces trois raisons, nous pensons que le choix de la femelle est responsable du maintien des frontières entre les espèces. Il est intéressant de noter que l'hybridation entre les espèces d'*Ophthalmotilapia* est asymétrique, ce qui implique que les femelles d'une espèce sont moins enclines à accepter des accouplements hétéro-spécifiques que celles de l'autre espèce. Cela nous permet de aussi étudier les barrières entre les espèces qui diffèrent en force. Nous combinerons des méthodes génomique, transcriptomique et comportementale pour étudier comment les barrières entre les espèces sont maintenues dans ce genre. En outre, nous nous efforcerons d'identifier les "gènes de spéciation", c'est-à-dire les gènes qui sont responsables du processus de spéciation. En examinant les génomes des espèces du genre dans toute son aire de répartition, nous chercherons à savoir si ces gènes de spéciation potentiels ont également contribué à la diversification du genre dans la nature.

Méthodologie

Nous combinerons une étude comportementale "classique" avec une comparaison du transcriptome du cerveau du cichlidé pendant et avant l'accouplement. Pour cela, nous avons mené deux séries d'expériences comportementales qui décrivent les phases initiale et finale du processus d'accouplement : une brève première rencontre avec un partenaire potentiel et un accouplement complet qui s'est terminé par une reproduction réussie. Les expériences ont été réalisées avec des spécimens d'*O. nasuta* et d'*O. ventralis* originaires d'une localité du lac Tanganyika où ils sont présents en sympatrie. Les deux expériences ont été réalisées dans un cadre con- et hétéro-spécifique, c'est-à-dire que les spécimens

femelles d'*Ophthalmotilapia* ont été présentés avec un mâle con- ou hétéro-spécifique. Le comportement des femelles a été comparé de manière impartiale. Après les expériences, les différentes parties du cerveau ont été utilisées pour le séquençage de l'ARN. Les transcriptomes des différentes parties du cerveau ont été comparés pour les spécimens soumis à un traitement différent et les gènes régulés à la hausse et à la baisse ont été identifiés, en utilisant le génome annoté du tilapia du Nil.

En outre, une approche de génotypage par séquençage a été suivie pour obtenir des données SNP pour 500 échantillons d'*Ophthalmotilapia* et d'espèces apparentées, ce qui nous a permis d'étudier les modèles d'hybridation.

Résultats

Compte tenu des schémas d'hybridation asymétrique observés dans la nature, nous avons postulé que les femelles d'*O. ventralis* seraient moins discriminatoires envers les mâles hétéro-spécifiques que les femelles d'*O. nasuta*. Ceci a été confirmé dans les expériences de présentation où nous avons observé la reconnaissance des espèces pour les femelles *O. nastra* mais pas pour celles de *O. ventralis*. Les formés se sont comportés différemment lors de l'observation d'un mâle con- ou hétéro-spécifique, alors que pour ce dernier, aucune différence significative de comportement n'a été observée. En examinant l'expression des gènes neuronaux, quatorze gènes ont été exprimés de manière différentielle dans au moins une des parties du cerveau des femelles d'*O. nasuta* après avoir vu un mâle d'*O. nasuta* ou d'*O. ventralis*. L'absence de comportement discriminatoire chez les femelles *O. ventralis* a également été observée dans les expériences d'accouplement. Ici, trois accouplements réussis entre une femelle *O. ventralis* et un mâle *O. nasuta* ont été observés. En comparant les transcriptomes des femelles d'*O. ventralis* après l'accouplement con- et hétéro-spécifique, 106 gènes ont été exprimés différemment. Les analyses phylogénétiques et phylogénomiques ont révélé une structure géographique similaire dans l'*Ophthalmotilapia*. Les analyses de structuration génétique ont révélé que les espèces étaient soutenues ; cependant, des cas d'hybridation, précédemment trouvés uniquement avec des marqueurs mitochondriaux, ont également été récupérés en utilisant une approche GBS.

Conclusions

L'hybridation observée dans une étude précédente sur quelques marqueurs génétiques pourrait être confirmée par les outils génomiques. Les expériences ont révélé que les modèles d'hybridation asymétrique observés dans la nature étaient dus à des différences dans la reconnaissance des espèces et le choix des partenaires chez les femelles et non à des différences dans le comportement d'accouplement des mâles. Des modèles d'expression génétique différents ont également montré que les femelles différencient les mâles con- et hétéro-spécifiques. En outre, l'expression différentielle des gènes s'est produite dans les mêmes parties du cerveau et comme des processus biologiques similaires ont été impliqués dans la reconnaissance des espèces dans les deux expériences. Nous suggérons que ces gènes, qui peuvent être considérés comme des gènes de spéciation candidats, modulent des processus qui pourraient inhiber l'hybridation dans des conditions naturelles.

Mots clés : Cerveau, Comportement, Choix du partenaire, Transcriptome, Spéciation