Adaptation de l'olivier sauvage *Olea europaea var. sylvestris (Mill.) Lehr* au changement climatique

CLIM OLIVE MED

Lison Zunino

Doctorat avec l'Institut Agro Montpellier et l'école doctorale GAIA

--

Directrice de thèse : Evelyne Costes

Encadrants de thèse : Bouchaib Khadari et Philippe Cubry

Introduction

Le changement global et l'anthropisation entraînent de rapides changements des écosystèmes. Ce phénomène a lieu depuis des millions d'années, avec des phases consécutives de réchauffement et de refroidissement, causant d'importantes modifications et extinctions parmi les espèces (Benton & Twitchett, 2003). Ce changement global et plus précisément climatique est un challenge pour l'adaptation des plantes à une échelle régionale et locale (Fig. 1).

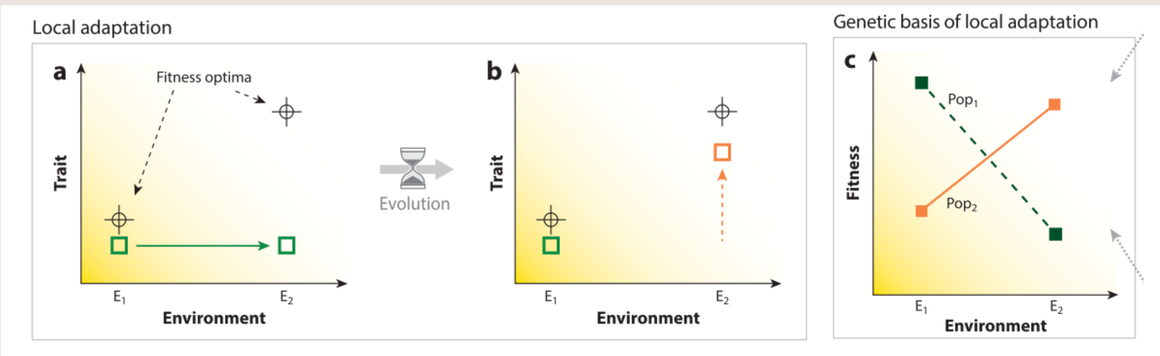

Figure 1. Processus de l'adaptation locale à l'environnement selon Vanwallendael et al., (2019).

Problématique du doctorat

Pour étudier l'impact du changement climatique sur les plantes et plus particulièrement sur les espèces pérennes, cette thèse se concentrera sur une espèce clé dans le bassin méditerranéen *Olea europaea var. sylvestris (Mill.) Lehr*. Cette étude permettra de mieux comprendre l'adaptation locale et son empreinte sur le génome. Nous aborderons la question générale de l'adaptation locale au changement climatique des oliviers sauvages de l'Europe de l'ouest, à travers trois sous-questions :

1. **Quelle est l'histoire démographique des populations d'oliviers sauvages de l'ouest de la Méditerrannée ?**
2. **Quelles parties du génome sont soumises à la sélection positive ?**
3. **Quels locus génétiques sont associés aux variations du climat ?**

Matériel

Un échantillonnage de **27 populations d'oliviers**, comprenant **15 individus** chacune, a été mené sur **un gradient Nord-Sud**, du sud de la France au sud-ouest du Maroc (Fig. 2). Chaque site échantillonné se trouve sous des **conditions climatiques différentes**. Pour chaque olivier, des **feuilles** ont été récoltées, ainsi que certaines **données phénotypiques** comme la hauteur des arbres et la surface foliaire (Fig. 3).
Les sites ont été sélectionnés à partir de la base de données du Conservatoire Botanique Nationale Simethis (http://simethis.eu) et la publication de Besnard et al., 2013.

Chaque individu va être séquencé selon une méthodologie de capture de **55 000 gènes**, créée à partir du génome de référence **Farga** par Julca et al., 2020.

Méthodes

1. **Étude de l'histoire démographique**
   - Utilisation des sets de capture de génome pour des modèles de simulation par coalescence.

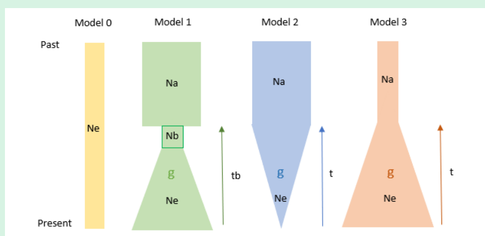

Figure 2. Exemple de modèles d'histoire démographique. Ne = taille de population actuelle, Na = taille de population ancestrale, Nb = goulot d'étranglement, t = temps, g = taux de croissance

2. **Parties du génome sélectionnée positivement**
   - méthode de détection par balayage sélectif (calcul du spectre de fréquence allélique, déséquilibre de liaison, D de Tajima).

3. **Détection des locus sélectionnés par le climat**
   - approche de génomique d'association à l'environnement.

Figure 4. Olivier sauvage Xàbia Espagne

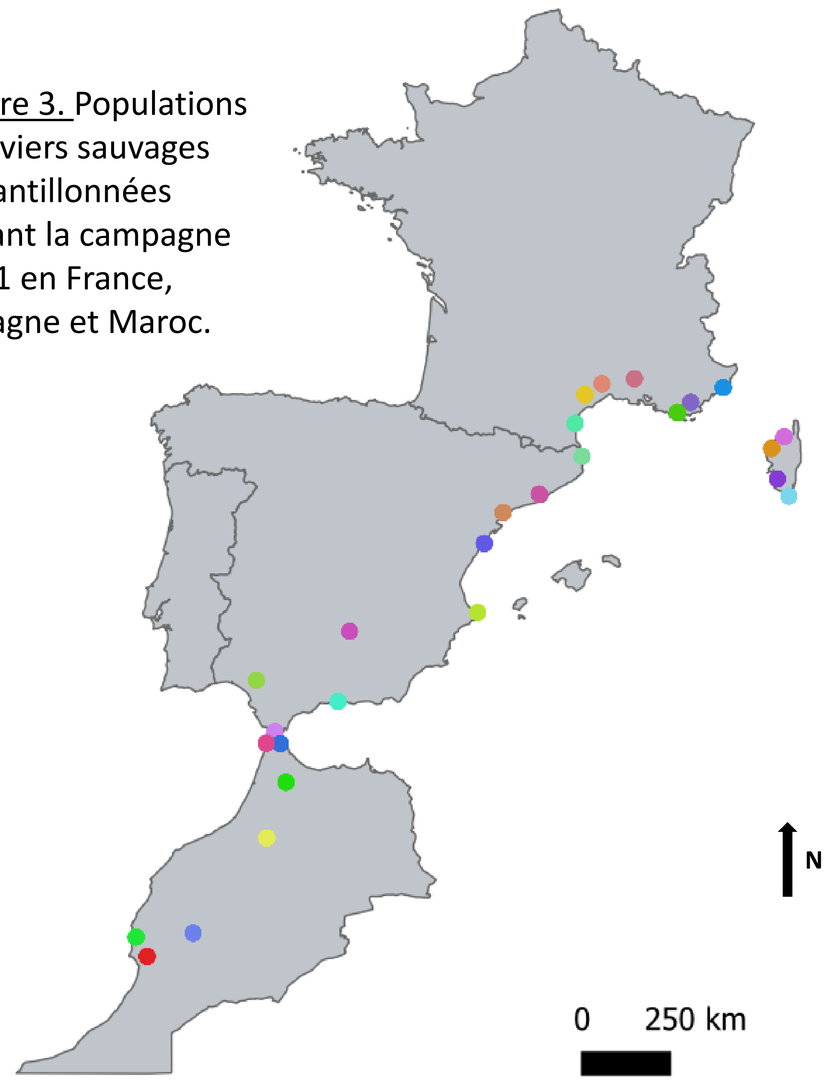

Figure 3. Populations d'oliviers sauvages échantillonnées durant la campagne 2021 en France, Espagne et Maroc.

Calendrier prévisionnel

1ère année - 2021

- Echantillonnage des populations
- Début du laboratoire
- Design de l'expérience de capture

2ème année - 2022

- Fin du laboratoire
- Analyses bioinformatiques
- Début des analyses génomiques
- Ecriture d'une revue

3ème année - 2023

- Fin des analyses génomiques
- Rédaction des publications
- Rédaction du manuscrit de thèse

Institutions d'accueil

Doctorat soutenu par