



HABILITATION A DIRIGER DES RECHERCHES

Date de la soutenance : **01 juin 2026**

Nom de famille et prénom de l'auteur : **Madame MUGAL Carina**

Titre des travaux : *Une approche multidisciplinaire de l'étude de la spéciation*

Résumé



J'adopte une approche multidisciplinaire, combinant l'analyse de données génomiques, la modélisation mathématique et les développements méthodologiques afin d'approfondir notre compréhension de l'isolement reproductif et de la spéciation.

Sur le plan empirique, j'utilise les gobemouches du genre *Ficedula* (*F.*) comme système modèle et mène des recherches sur la spéciation chez le gobemouche à collier (*F. albicollis*) et le gobemouche noir (*F. hypoleuca*). Ces deux espèces constituent un modèle écologique de premier plan pour l'étude de la spéciation et représentent un excellent modèle pour explorer les bases moléculaires et les mécanismes de l'isolement reproductif et de la spéciation chez les passereaux. Premièrement, une riche documentation écologique et des ressources génomiques sont disponibles. De plus, le système gobemouche à collier et gobemouche noir représente un couple d'espèces étroitement apparentées qui forment des hybrides F1 naturels, lesquels présentent une viabilité réduite et une stérilité complète, un phénomène généralement considéré comme évoluant lentement chez les oiseaux. De plus, ces deux espèces de passereaux offrent la possibilité d'**étudier les bases moléculaires des barrières reproductives post-zygotiques en milieu naturel**, un sujet jusqu'ici principalement étudié en laboratoire. Afin de décrypter les mécanismes moléculaires sous-jacents à la stérilité hybride observée, j'étudie **la régulation de l'expression génique et du taux de recombinaison chez ces passereaux** et leurs hybrides F1. En complétant cette étude par des approches génétiques des populations chez les espèces parentales, je souhaite mieux comprendre l'interaction entre la sélection divergente et la formation d'incompatibilités intrinsèques dans les génomes hybrides.

Du point de vue de la modélisation, je m'intéresse également à la compréhension des signatures génomiques de la sélection naturelle associées au processus de spéciation, par opposition à la divergence par dérive génétique. Plus précisément, mes travaux mathématiques s'inscrivent dans le cadre de **la génétique des populations théorique** et visent à décrire conjointement la variation génétique intra- et inter-spécifique tout au long du continuum de spéciation, c'est-à-dire de l'échelle micro-évolutive à l'échelle macro-évolutive. Pour cela, je me suis attachée à établir une description analytique de l'évolution des fréquences alléliques chez deux espèces divergentes afin de mieux comprendre l'influence des processus populationnels et des dynamiques de non-équilibre sur la variation génétique intra- et inter-spécifique. Ces processus et dynamiques incluent notamment les fluctuations de la taille des populations, les variations environnementales et la recombinaison méiotique. Outre cette compréhension conceptuelle, le cadre mathématique fournit également un fondement statistique pour quantifier le taux d'évolution adaptative lors de la spéciation. Plus généralement, ce travail mathématique peut servir d'outil pertinent pour **combler le fossé entre l'analyse classique de génétique des populations et l'analyse phylogénétique**, qui se concentrent respectivement sur la variation génétique intra- et interspécifique. Afin

d'évaluer la robustesse des développements méthodologiques, j'ai complété le cadre mathématique par le développement de simulations génétiquement explicites, basées sur les individus et à l'échelle phylogénétique.