

Résumé

L'hybridation est un phénomène qui reste très souvent sous-estimé dans les études portant sur l'histoire évolutive d'une lignée ainsi que sur la naissance d'une espèce. Pourtant, les premières synthèses montrent clairement le rôle moteur de ce processus évolutif, qui conduit à la mise en place de nombreuses lignées végétales et animales actuelles. C'est un mécanisme qui permet une augmentation rapide de la diversité génétique (donc un potentiel adaptatif nouveau) grâce à un transfert horizontal (uni ou bidirectionnel) du matériel génétique entre deux espèces. L'étude génétique de l'hybridation nécessitera un ensemble d'outils « spécifiques », et surtout, dans bien des cas, adaptés aux organismes non modèles. En effet, une minorité d'espèces sont considérées comme modèles et possèdent leurs propres outils, limitant de ce fait des pipe-lines généralisables à l'ensemble des espèces et des processus évolutifs telle que l'hybridation.

C'est pourquoi nous avons, au cours de cette étude, mis en place une suite logicielle (ou pipe-line) dédiée à l'analyse transcriptomique ainsi qu'à l'étude de l'expression des transcrits chez les hybrides d'espèces non-modèles. Nous avons pratiqué diverses simulations d'hybridations *in silico* avec plusieurs espèces de vertébrés, arthropodes et plantes afin de valider notre approche méthodologique. Pour des données « *in vivo* », notre outil bioinformatique a besoin comme unique pré-requis d'un transcriptome suffisamment proche de l'espèce étudiée. Nous avons choisi d'utiliser comme technologie NGS (nouvelles technologies de séquençage) le MiSeq d'Illumina © permettant d'obtenir des séquences d'environ 250 paires de bases. Ainsi, à l'aide d'un seul séquençage, nous avons pu assembler et annoter le transcriptome du *Danio roseus* et celui de notre propre souche de *Danio rerio*.

Les deux transcriptomes ont été utilisés par notre suite logicielle montrant qu'il est possible d'exploiter plus de la moitié des gènes des deux espèces comme marqueurs génomiques afin de comprendre les variations de transcriptome issues de l'hybridation.

Finalement, cette finesse de détection de transcriptomes hybrides nous ouvre la voie sur un large spectre d'études futures comme l'écogénomique en milieu naturel.