



Vendredi 30 septembre 2016  
à 14h30 à la bibliothèque du CRIOBE,



**Benoît Pujol, Chargé de recherche CNRS**  
**Laboratoire Evolution & Diversité Biologique (EDB), Toulouse.**

**Intégrer écologie évolutive et génétique quantitative en populations naturelles pour prévoir leur capacité à répondre à la sélection / *Bridging Evolutionary Ecology and Quantitative Genetics in Wild Populations to Predict Their Potential to Respond to Selection***

Résumé : Notre capacité à prédire la réponse évolutive à la sélection des populations sauvages est limitée. Dans la nature, très peu de réponses génétiques sont documentées. Premièrement, je présenterai un échantillon de résultats sur la plasticité phénotypique, les corrélations génétiques, les effets maternels et l'âge, obtenus au cours de 20 ans d'études de génétique quantitative en populations naturelles. Ces études illustrent la déconnection possible entre la sélection et la variation génétique des caractères liés à la valeur sélective. Deuxièmement, je présenterai des pistes de recherches émergentes qui améliorent notre connaissance dans ce domaine (expansion démographique, hérédité non génétique). Nous proposons un cadre conceptuel intégratif qui combine ces mécanismes biologiques pour évaluer leur effet sur le potentiel évolutif des populations à répondre à la sélection. Unifier ces avancées conceptuelles a des implications pour la question de la stase évolutive, pour protéger la biodiversité intra-spécifique, mitiger l'effet des changements climatiques, et gérer durablement les ressources génétiques.

*Abstract : There are limits to our ability to predict the evolutionary response to selection in wild populations. Contemporary genetic changes in response to selection are seldom accurately documented in nature. First, I will present a sample of results found over 20 years of quantitative genetic research carried out in wild populations on phenotypic plasticity, genetic correlations, maternal effects, age. These findings illustrate the disconnection between selection and the genetic variation for fitness-related traits. Second, I will present emerging research tracks that will improve our understanding in this domain (e.g, demographic expansion effects, nongenetic inheritance). We propose an integrative framework combining these biological mechanisms to evaluate their effect on the evolutionary potential of populations to respond to selection. Unifying these conceptual advances has implications for the question of the evolutionary stasis, for protecting intraspecific biodiversity, mitigating the impact of climate change, and managing sustainable genetic resources.*