

Candidature Post-Doc

Vous êtes Docteur et vous souhaitez déposer votre proposition de candidature dans le cadre du dispositif MOBIDOC Post-Doc, merci de remplir les champs suivants :

Nouvelle édition MOBIDOC Créativité



Projet financé par
l'Union européenne

Important *



En cochant cette case, je confirme que les informations saisies dans ce formulaire n'ont pas un caractère confidentiel et j'accepte de les diffuser sur le site web de l'ANPR.

Informations sur le Docteur :

Nom : *

SIDHOM

Prénom : *

Marwa

Adresse : *

Avenue Taher Hadded

Ville : *

Monastir

Code postal :

5000

Gouvernorat : *

Monastir

Tél. mobile : *

51451055

Email : *

marwasidhom@hotmail.fr

Expérience professionnelle (s'il y en a) :

Informations à propos du diplôme de doctorat et des travaux de recherche et innovation (R&I) envisagées

Etablissement universitaire d'obtention du doctorat : *

Institut supérieur de biotechnologie de Monastir

Structure de recherche du doctorat : *

LR11ES41, GBVB

Discipline à laquelle appartient le diplôme de doctorat : *

Science biologique

Année d'obtention : *

2021

Intitulé de la thèse : *

Variabilité génétique et biogéographie des caméléons: Chamaeleo chamaeleon

Bref descriptif de la thèse : *

La région méditerranéenne est l'un des hotspots de biodiversité identifiés au niveau mondial. *Chamaeleo chamaeleon* est l'espèce du genre *Chamaeleo* la plus répandue dans cette région. Le patrimoine génétique de cette espèce est bien analysé en Europe et au Moyen Orient mais reste encore mal exploré en Afrique du Nord et plus particulièrement en Tunisie.

Dans un premier chapitre, nous avons abordé l'étude de la caractérisation chromosomique de *C. chamaeleon* et l'analyse de l'évolution et de la diversification des chromosomes sexuels chez la famille des Chamaeleonidae. Les résultats des méthodes de coloration standards ont confirmé que la formule chromosomique au sein de cette espèce est $2n=24$ avec six paires de macrochromosomes tous métacentriques et six paires de microchromosomes. Une faible distribution des hétérochromatines a été notée, exclusivement sur les régions centromériques. Les résultats des méthodes de cytogénétique moléculaire notamment l'hybridation in situ fluorescente (FISH) ont mis en évidence, en premier lieu, que des loci des organisateurs nucléolaires (NOR) se trouvent proches des télomères des deux bras longs de la deuxième paire de macrochromosomes et ont révélé une occupation massive du signal des séquences télomériques interstitielles (ITS) de plusieurs paires de macrochromosomes, en deuxième lieu. Ce dernier résultat suggère que des fusions d'anciens chromosomes auraient été à l'origine de la réduction du nombre de chromosome. Pour la compréhension des mécanismes qui auraient façonné le déterminisme du sexe, nous avons combiné les deux analyses: PCR et FISH. Les amplifications par quatre couples d'amorces RADseq montrent que les séquences d'ADN associées aux sites de restriction spécifiques au mâle RADseq isolées chez l'espèce congénérique *C. calytratus* sont conservées chez notre espèce d'étude suggérant l'occurrence d'un système putatif de chromosomes sexuels XX/XY. Nous avons pu localiser, par le biais de la technique RAD-FISH, le chromosome sexuel XY putatif sur la seconde paire des macrochromosomes. Enfin, nous avons abordé une analyse bio-informatique sur l'origine des séquences d'ADN amplifiées par les amorces RADseq qui sont fortement dispersées dans les macrochromosomes et les microchromosomes. Cette analyse atteste la présence de trois différents éléments transposables ET fortement intercalés sur la plupart des paires de chromosomes. Ce résultat suggère que ces ET pourraient avoir joué un rôle dans les réarrangements passés du génome de l'espèce.

Dans un deuxième chapitre, nous avons entrepris l'étude du polymorphisme moléculaire et phylogéographique par l'analyse de marqueurs mitochondriaux (Cytb, CoxII et ARNr 16S) et nucléaires (PRLR). L'ensemble des analyses orientées vers l'estimation de la variabilité génétique établie à la fois en Tunisie et dans l'ensemble des populations méditerranéennes, montre une forte diversité haplotypique et une faible diversité nucléotidique. Les résultats de la reconstruction phylogéographique montrent clairement une divergence génétique entre les populations de l'Est et de l'Ouest du bassin méditerranéen. Chacune de ces deux radiations est représentée par un clade en Tunisie suggérant que la Tunisie constitue une zone de contact entre ces deux clades méditerranéens.

.

Thème(s) de R&I envisagés dans le cadre du projet MOBIDOC : *

SDG3 indicateur 3.4, 3.9, 3.b

A quel(s) secteur(s) d'activité(s) pourrait éventuellement appartenir l'organisme bénéficiaire *
d'accueil visé ?

sante

Informations complémentaires (s'il y a lieu) :

Ce contenu n'est ni rédigé, ni cautionné par Google.

Google Forms