

STAGE DE RECHERCHE M2 ECOLOGIE EVOLUTION GENOMIQUE Rentrée 2016

Dynamique évolutive du campagnol roussâtre : rôle de la phylogénie et de l'environnement

Université Claude Bernard Lyon 1

Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive UMR CNRS 5558 Villeurbanne

Encadrants : Pascale Chevret (pascale.chevret@univ-lyon1.fr) – Sabrina Renaud (sabrina.renaud@univ-lyon1.fr)

Contexte général :

La phylogéographie est l'étude de la structuration des espèces au moyen d'approches génétiques. Elle permet de comprendre l'histoire évolutive des espèces. Le processus majeur a été une succession d'isolement des populations dans des zones refuges durant les périodes glaciaires, suivies de ré-expansions lors des interglaciaires. Ces successions de phases d'isolement ont conduit à la différenciation de lignées au sein des espèces actuelles. Si le rôle de la vicariance (isolement dû à des barrières géographiques, type massif montagneux) est bien connu, le rôle de l'adaptation, dans ce processus, reste discuté et difficile à évaluer. L'étude de la morphologie peut ici venir en appui aux analyses génétiques. Les traits phénotypiques sont sous pression de sélection de l'environnement ; des caractères comme les dents, impliquées dans la consommation des ressources alimentaires, peuvent par exemple apporter des informations sur les pressions de sélections liées à l'alimentation. Intégrer données phylogénétiques et morphométriques peut donc apporter un éclairage original sur la dynamique évolutive des espèces.

Le modèle : le campagnol roussâtre :

Chez le campagnol roussâtre (*Myodes glareolus*) la zone méditerranéenne recèle une remarquable diversité en termes de lignées phylogénétique et de morphologie (Colangelo et al., 2012, Ledevin et al., in prep). En outre, le massif montagneux alpin émerge comme une zone particulièrement complexe (e.g. Cornetti et al., 2015; Ledevin et al., in prep), étant à la fois zone de contact entre lignées, et riche en milieux extrêmes et fragmentés qui pourraient favoriser l'évolution rapide (et possiblement adaptative). Les études récentes et nos données préliminaires posent de nombreuses questions : Dans quelle mesure la distribution des lignées est-elle modelée par des préférences environnementales ou par les barrières géographiques ? Quelles sont leurs relations phylogénétiques ? Quelle a été leur dynamique démographique au cours du temps ? Comment s'insère la dynamique des populations alpines dans le cadre plus général des lignées phylogéographiques ? Quel rôle joue l'adaptation dans le maintien de cette diversité ?

Objectifs :

- (1) Mieux comprendre la structuration des lignées méditerranéennes, dans le temps et dans l'espace, ainsi que leur dynamique démographique.
- (2) Effectuer une analyse plus ciblée sur la zone alpine, afin de mieux comprendre ses spécificités et sa signature en termes de structure et dynamique des lignées et des populations.
- (3) Caractériser la morphologie des lignées et des populations alpines.
- (4) Réaliser des analyses comparatives afin de déterminer la part de la phylogénie et de l'environnement dans la variation morphologique (Ledevin et al., 2016).

Démarche et méthodes :

L'analyse génétique s'appuiera sur des marqueurs classiques (ADN mitochondrial). Le stage comprendra une étape d'acquisition de données moléculaires nouvelles, sur un ensemble de spécimens alpins. Ces données compléteront les données existantes, permettant ainsi des analyses à plusieurs échelles, de celles de l'Europe à celles des Alpes.

Une comparaison pourra être effectuée avec l'évolution de caractères phénotypiques quantifiée au moyen de méthodes morphométriques 2D. L'essentiel du jeu de données est déjà acquis. L'effort d'analyse portera avant tout sur une analyse couplée confrontant les variations morphométriques aux données phylogénétiques et environnementales, afin d'estimer le rôle de l'adaptation dans la dynamique évolutive du campagnol.

L'échantillonnage s'appuiera en grande partie sur des données disponibles et sur les collections de crânes et de tissus des différents partenaires (Johan Michaux, Liège, Jean-Pierre Quéré, Montpellier), y compris un échantillonnage original dans les Alpes françaises.

Compétences recherchées :

Ce sujet est essentiellement basé sur une approche de **génétique**, complétée de **morphométrie** et d'**analyses comparatives**. Il comportera des analyses de biologie moléculaire classique (PCR, séquençage), l'analyse de ces marqueurs et leur comparaison avec des données morphométriques. Ce stage demandera un travail en laboratoire et un important travail d'analyse de données (logiciels de phylogénie, R). En fonction des centres d'intérêt du candidat, l'accent pourra être mis sur l'un ou l'autre des aspects.

Publications du groupe de travail en lien avec le sujet :

Guérécheau, A., Ledevin, R., Henttonen, H., Deffontaine, V., Michaux, J. R., **Chevret, P. & Renaud, S.** 2010. Seasonal variation in molar outline of bank voles: an effect of wear? *Mammalian Biology* 75: 311-319.

Helvacı, Z., **Renaud, S., Ledevin, R.,** Adriaens, D., Michaux, J.R., Çolak, R., Kankiliç, T., Kandemir, I., Yiğit, N. & Çolak, E. 2012. Morphometric and genetic structure of the edible dormouse (*Glis glis*): a consequence of forest fragmentation in Turkey. *Biological Journal of the Linnean Society* 107: 611-623.

Ledevin, R., Michaux, J. R., Deffontaine, V., Henttonen, H. & **Renaud, S.** 2010. Evolutionary history of the bank vole, *Myodes glareolus* (Rodentia :Arvicolinae) : a morphometric perspective. *Biological Journal of the Linnean Society* 100: 691-694.

Ledevin, R., Chevret, P., Ganem, G., Britton-Davidian, J., Hardouin, E., Chapuis, J.-L., Pisanu, B., da Luz Mathias, M., Schlager, S., Auffray, J.-C., & **Renaud, S.** 2016. Phylogeny and adaptation shape the tooth of insular mice. *Proceedings of the Royal Society B*. 283: 20152820.