



STAGE DE RECHERCHE M2 ECOLOGIE EVOLUTION GENOMIQUE

Rentrée 2018

Diversité, effet fondateur et origine géographique dans les populations invasives, et en expansion, de rats laveurs en France

Université Claude Bernard Lyon 1

Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive UMR CNRS 5558 Villeurbanne

&

ONCFS, unité prédateurs animaux déprédateurs

Encadrants : Sébastien Devillard* (sebastien.devillard@univ-lyon1.fr, LBBE, équipe Ecologie et Evolution des Populations, *contact pour le stage), Pascale Chevret (pascale.chevret@univ-lyon1.fr, LBBE, équipe Ecologie et Evolution des Populations), Sandrine Ruelle (sandrine.ruelle@oncfs.gouv.fr, ONCFS UPAD), Jean-François Maillard (Jean-francois.Maillard@oncfs.gouv.fr, ONCFS UPAD)

Contexte

Le raton laveur (*Procyon lotor*) est une Espèce Exotique Envahissante (EEE, i.e. espèce invasive) en France et en Europe dont les populations connaissent une expansion continue depuis les premiers individus laissés libres en nature dans le Nord-Est de la France (Leger 1999, Leger et al. 2015) au milieu du XXème siècle. Comme toute espèce invasive, le raton laveur impose sur le fonctionnement des écosystèmes des nouvelles contraintes (compétition avec les espèces endémiques et transmissions de zoonoses notamment) qu'il faut anticiper et gérer.

Les outils moléculaires utilisés ces deux dernières décades aussi bien en génétique de la conservation que dans celle de la gestion ont permis de mieux comprendre les dynamiques expansionnistes des espèces invasives, d'identifier les populations d'origines et les apports d'animaux nouvellement relâchés. La diversité génétique, les effets fondateurs et la phylogéographie de ces espèces aident les chercheurs et les gestionnaires à mieux cerner les risques d'expansion rapide et l'installation définitive de ces espèces sur des territoires indemnes.

En France, trois noyaux de population (Aisne, Massif Central et Bordelais) sont pour l'heure identifiés avec preuve vérifiée de reproduction *in natura*. Ces populations ont été soit directement et volontairement introduites par l'homme (Aisne) ou sont le résultats d'animaux échappés de zoos ou de fermes zoologiques (Massif central et Bordelais). La réglementation EEE Européenne prévoit la mise en place de différentes mesures en vue de limiter l'expansion et d'éviter la constitution de nouveaux foyers. Parmi ces mesures, un monitoring génétique doit être mis en place. L'objectif de monitoring génétique est de caractériser les différents foyers existants et si possible, de mettre au point un panel de marqueurs moléculaires et une méthodologie permettant d'affecter tout nouvel individu à l'une de ces populations résidentes (dispersion, expansion) ou à des individus gardés en captivité. Pour ce faire, il est nécessaire d'apporter des éléments de réponse sur la diversité génétique, la structuration spatiale génétique et la phylogéographie des populations résidentes.

Objectifs du stage

190 échantillons de raton laveur de France, de pays limitrophes et des zones endémiques sont disponibles. Ces échantillons sont en cours de séquençage pour 20-25 marqueurs microsatellites spécifiques du raton laveur. Ces génotypes seront disponibles fin décembre 2018 début janvier 2019. Les échantillons sont géolocalisés. Les objectifs du stage seront :

- Une analyse approfondie de la diversité génétique et de la structuration spatiale génétique des populations métropolitaines de raton laveur à partir des génotypes microsatellites avec les méthodes usuelles et d'autres plus récemment développées.
- Un séquençage de l'ADN mitochondrial (Région de contrôle, cytochrome b) de tout ou partie de ces 190 ratons laveurs.
- Ces séquences mitochondriales seront comparées à celles déjà publiées dans la littérature (GenBank) et ajoutées à d'autres en cours de séquençage sur le raton laveur des Antilles. La phylogéographie du raton laveur, et par là, la ou les origines géographiques des populations introduites seront inférées.