



STAGE DE RECHERCHE M2 ECOLOGIE EVOLUTION GENOMIQUE

Rentrée 2018

Génomique de populations du requin tigre (*Galeocerdo cuvier*)

Museum National d'Histoire Naturelle

Institut de systématique, Evolution, Biodiversité – ISYEB (UMR7205 – CNRS, MNHN, UPMC, EPHE)

Stefano Mona (stefano.mona@mnhn.fr, MCF EPHE, ISYEB, UMR7205)

Contexte

Le requin tigre *Galeocerdo cuvier* (Péron & Lesueur 1822) est un requin de la famille des Carcharhinidés trouvé mondialement dans les eaux tropicales et subtropicales (Compagno, 1984, 1990). Ce requin est très opportuniste (Lowe et al., 1996), présentant un régime alimentaire très varié et se nourrissant même parfois de charognes (Dudley et al., 2000). Par ailleurs, il a été démontré qu'il exerçait un rôle important dans les écosystèmes marins en influençant la façon dont ses proies utilisent l'habitat, modifiant ainsi la structure des communautés des producteurs primaires, la biomasse et la composition en nutriments des écosystèmes (Wirsing et al., 2007).

Les études de marquage-recapture ou de suivi satellite ayant décrit les mouvements des requins tigre ont montré des capacités de migration très importantes (Werry et al., 2014), avec notamment deux requins ayant traversé l'Atlantique, de l'Amérique (Sud ou Nord) jusqu'à la côte est-africaine. Ainsi, si ce requin était majoritairement considéré comme une espèce inféodée aux milieux côtiers, il semble capable de faire des incursions longues et fréquentes en milieu océanique.

Les premières études de génétique des populations du requin tigre ont mis en évidence : i) l'isolement génétique entre les populations de l'Atlantique et celles des océans Indien et Pacifique ; ii) aucune différenciation génétique n'a été identifiée entre les échantillons prélevés en Australie et ceux d'Hawaii ; iii) philopatrie des femelles à des sites de nurseries.

Objectifs du stage

Etudier l'histoire sélective et démographique de requin tigre : les changements de la taille efficace au cours de temps ainsi que le flux de gènes entre et au sein de chaque bassin océanique. Loci sous sélection positive seront aussi identifiés pour détecter signatures d'adaptation locales.

Techniques abordées

Plusieurs individus de requin tigre (~80) ont été séquencés chez 6 populations dans les trois bassins océaniques avec une approche ddRad-seq. N'ayant pas de génome de référence, les séquences seront assemblées *de novo* en utilisant pipelines bio-informatiques. Les données ainsi obtenues seront analysées pour détecter de loci sous sélection (avec des méthodes model et non-model based) et l'histoire démographique sera ensuite reconstruite pour la plupart à l'aide de la théorie de la coalescence, couplée avec des méthodes d'approximation bayésienne. Il est impératif d'avoir des connaissances de base du langage de programmation R et familiarité avec le système Unix/Linux.

Calendrier

Mois 1 : bio-informatique. Mois 2 : Tests de sélection. Mois 3,4,5 : inférences démographiques puis rédaction de mémoire.