



STAGE DE RECHERCHE M2 ECOLOGIE EVOLUTION GENOMIQUE

Rentrée 2020

Ecologie moléculaire du cerf dans une population fermée : diversité génétique, taille efficace et parenté.

Université Claude Bernard Lyon 1

Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive UMR CNRS 5558 Villeurbanne

Encadrants : Ludovic Say* (ludovic.say@univ-lyon1.fr) et Sébastien Devillard (sebastien.devillard@univ-lyon1.fr), LBBE, équipe Ecologie et Evolution des Populations, *contact pour le stage). Maryline Pellerin (Maryline.Pellerin@oncs.gov.fr) de l'OFB, Unité Ongulés Sauvages.

Contexte

Récemment, le domaine national de Chambord a initié, avec l'appui de l'ONCFS, un suivi scientifique des populations de cerfs avec la mise en place d'un protocole de capture-marquage-recapture (CMR) et une collecte d'échantillons aux tableaux de chasse. Ces suivis individuels à long terme par CMR doivent servir de base à la connaissance du fonctionnement de la dynamique des populations d'ongulés et est voué à devenir un site de référence national pour le suivi scientifique du cerf. Le projet scientifique concerne l'étude des moteurs de la dynamique des populations de cerfs (chasse, climat, densité de population, fructification forestière), l'estimation des paramètres démographiques (survie et succès reproducteur) et la modélisation de la dynamique des populations. De ces travaux pourront être proposés des méthodes de suivi des fluctuations d'effectifs validés scientifiquement, ainsi que l'expérimentation de nouvelles modalités de gestion de la faune sauvage. Les échantillons de tissu collectés pendant les captures et aux tableaux de chasse vont permettre de compléter les connaissances écologiques de la population par une approche complémentaire d'écologie moléculaire. En effet, dans le cadre de l'étude des populations d'espèces sauvages, l'outil moléculaire peut apporter des éléments de réponse en substitution ou en complément des méthodes classiques d'investigation. Il permet d'estimer certains paramètres clés tel que l'hétérozygotie, le nombre d'allèles, les tailles efficaces, le taux de dispersion ou encore le degré de différenciation entre population.... En outre, identifier les facteurs environnementaux ou anthropomorphiques qui permettent d'expliquer la nature et l'intensité de la diversité et de la différenciation génétique observée est un problème fondamental en génétique des populations. Il trouve de nombreuses applications comme, entre autres, retracer l'histoire des populations, conserver la biodiversité, ou améliorer les procédures de gestion d'espèces ou de populations ayant une valeur économique, cynégétique ou patrimoniale importante, comme peut l'être la population de cerfs de Chambord.

L'objectif de ce stage est de tirer parti du travail de génotypage moléculaire sur 22 locus microsatellites de plus de 1000 individus, mâles, femelles et faons, échantillonnés entre 2014 et 2020 au sein de la population de cerfs de Chambord soit par CMR soit aux tableaux de chasse.

Plus précisément, il s'agira ici :

1- de caractériser la diversité génétique de la population de cerfs de Chambord et d'étudier la variabilité temporelle de cette diversité génétique pour inférer l'histoire évolutive de cette population fermée depuis plusieurs siècles et d'estimer l'impact des mesures de gestion et de de chasse sur le potentiel évolutif de cette population. Favoriser une diversité génétique élevée dans les populations d'animaux sauvages reste un objectif majeur des gestionnaires. Elle permet de maintenir une potentialité adaptative des individus et de réduire les coûts éventuels liés à des accouplements entre apparentés.

2- d'estimer des paramètres démographiques qui renseignent sur le fonctionnement de la population. En particulier, nous estimerons la taille efficace de cette population. En effet, une pression de chasse importante dans une population fermée peut conduire à des diminutions importantes des effectifs efficaces concomitantes avec une diminution de la diversité génétique évoquée dans le point précédent.

3- de caractériser le système génétique d'appariement et de définir les caractéristiques des mâles qui participent effectivement à la reproduction par des études de recherche de paternité des faons échantillonnés.

4- d'investiguer la structuration spatiale de la population de cerfs sur le domaine de Chambord

5- de rédiger en introduction une synthèse sur les effets génétiques d'une fermeture de population (absence d'émigration et d'immigration)