

Stage M2 : Reconstruire la généalogie d'une population naturelle à partir de données démographiques : le sanglier comme cas d'étude

Contexte

Dans une population, les taux démographiques ont une influence sur la façon dont s'apparentent les individus. Dans une population à un sexe (c.a.d. dont la dynamique d'un seul des deux sexes est étudiée), ces taux sont principalement la survie et la fertilité, structurées par âges ou stades (masse corporelle, etc.). Les effets de la structure par âges sur les dynamiques d'apparement ont déjà été étudiés (cadre continu : Goodman et al. 1974, Pullum 1982 ; cadre discret : Caswell 2019). Ces travaux ont été étendus récemment par l'équipe encadrante afin d'inclure toute structuration possible (Pavard et Coste 2020, Coste et al. 2021). Par exemple, si la catégorisation de la population inclut d'autres traits que l'âge ou le stade, d'autres taux démographiques peuvent facilement être pris en compte : taux de migration (trait territoire), taux de croissance (trait taille), etc. Dans le cas d'une population à deux sexes, la généalogie d'une population dépend de la formation des unions : comment les mâles et les femelles s'apparient au sein d'une année, d'une année sur l'autre, quel est le taux de polyandrie, de polygynie ? Quel est l'effet de la composition d'une union (âge/stade du mâle et de la femelle, polyandrie/gynie) sur sa fertilité ? Ce cadre théorique n'a pas encore été abordé dans la littérature, et sera poursuivi, testé et appliqué dans le cadre de ce stage de master en prenant le sanglier comme cas d'étude.

Le sanglier est une espèce omniprésente en Europe et ses effectifs sont en forte croissance ces dernières décennies (Massei et al., 2015). Cette croissance très marquée des populations de sangliers est accompagnée par une augmentation des dégâts agricoles. Par ailleurs, de nouveaux problèmes se greffent à cette situation historique, incluant par exemple des problèmes sanitaires (cas de la peste porcine africaine récemment), problèmes sociétaux et/ou de sécurité liés aux sangliers vivant en milieu périurbain. Mieux comprendre le fonctionnement démographique des populations de sangliers est crucial pour mieux en contrôler les effectifs. Le sanglier présente une structure sociale particulière au sein des ongulés, de type matrilineaire. En effet, les femelles adultes sont généralement regroupées avec leurs jeunes, et après le sevrage, les femelles restent avec leurs mères témoignant d'associations mère-filles durables dans le temps (Kaminski et al. 2005). Alors que, pendant longtemps, les jeunes d'un groupe ont été considérés comme étant étroitement apparentés (même père) à cause d'un système d'appariement polygyne où les gros/vieux mâles monopolisent la reproduction, de récents travaux ont montré l'existence de multi-paternités au sein d'une portée, suggérant qu'un système de type polyandrie/gynie décrivait davantage le système d'appariement de l'espèce sanglier (Gayet et al. 2016, 2021). Ceci a été attribué à la forte pression de chasse exercée dans certaines populations, alors désorganisées par l'absence de gros/vieux mâles. De façon intéressante, une augmentation du nombre de pères au sein d'une portée favorise l'augmentation de la taille de portée (Gayet et al. 2016).

Objectifs

L'objectif majeur de ce travail visera i) à établir un ou plusieurs modèles de projection de population, à deux sexes et qui incluent l'effet de la chasse, à partir des données démographiques disponibles ii) à mesurer, à partir de ces modèles, les relations de parenté attendues entre les individus d'une population de sangliers, afin iii) d'évaluer les conséquences du prélèvement (chasse) sur la dynamique de la population et sur les relations de parenté. Plus précisément, des données démographiques (survie, fécondité) ont déjà été publiées par l'équipe encadrante (Gamelon et al. 2011, Gamelon et al. 2012, Touzot et al. 2020). A partir de ces estimations de survie et reproduction, l'étudiant(e) développera dans un premier temps un modèle démographique à deux sexes pour cette espèce afin d'évaluer la structure d'apparement de la population. Dans un second temps, des scénarios de

prélèvements (chasse) seront simulés afin d'en évaluer les conséquences sur l'apparement et in fine sur la démographie de la population.

Références bibliographiques

- Caswell, H. 2019. The formal demography of kinship: A matrix formulation. *Demographic Research* 41:679–712.
- Coste, C. F. D., F. Bienvenu, V. Ronget, S. Cubaynes, and S. Pavard. 2021. The Kinship Matrix: Inferring the Kinship Structure of a Population From Its Demography. *bioRxiv* 2021.04.12.439517.
- Gamelon, M., A. Besnard, J.-M. Gaillard, S. Servanty, E. Baubet, S. Brandt, and O. Gimenez. 2011. High hunting pressure selects for earlier birth date: wild boar as a case study. *Evolution* 65:3100–3112.
- Gamelon, M., J.-M. Gaillard, S. Servanty, O. Gimenez, C. Toïgo, E. Baubet, F. Klein, and J.-D. Lebreton. 2012. Making use of harvest information to examine alternative management scenarios: a body weight-structured model for wild boar. *Journal of Applied Ecology* 49:833–841.
- Gayet, T., S. Devillard, M. Gamelon, S. Brandt, L. Say, and E. Baubet. 2016. On the evolutionary consequences of increasing litter size with multiple paternity in wild boar (*Sus scrofa scrofa*). *Evolution* 70:1386–1397.
- Goodman, L. A., N. Keyfitz, and T. W. Pullum. 1974. Family formation and the frequency of various kinship relationships. *Theoretical Population Biology* 5:1–27.
- Pullum, T. W. 1982. The eventual frequencies of kin in a stable population. *Demography* 19:549–565.
- Kaminski, G., S. Brandt, E. Baubet, and C. Baudoin. 2005. Life-history patterns in female wild boars (*Sus scrofa*): mother–daughter postweaning associations. *Canadian Journal of Zoology* 83:474–480.
- Massei, G., J. Kindberg, A. Licoppe, D. Gačić, N. Šprem, J. Kamler, E. Baubet, U. Hohmann, A. Monaco, J. Ozoliņš, S. Cellina, T. Podgórski, C. Fonseca, N. Markov, B. Pokorny, C. Rosell, and A. Náhlik. 2015. Wild boar populations up, numbers of hunters down? A review of trends and implications for Europe. *Pest Management Science* 71:492–500.
- Pavard, S., and C. F. D. Coste. 2020. Goodman, Keyfitz and Pullum (1974) and the population frequencies of kinship relationships. *Theoretical Population Biology* 133:15–16.
- Touzot, L., É. Schermer, S. Venner, S. Delzon, C. Rousset, E. Baubet, J.-M. Gaillard, and M. Gamelon. 2020. How does increasing mast seeding frequency affect population dynamics of seed consumers? Wild boar as a case study. *Ecological Applications* 30:e02134.

Compétences requises

Nous recherchons une personne avec le profil suivant :

- Fort intérêt pour la modélisation ;
- Connaissances en écologie et démographie ;
- La maîtrise des logiciels R, Matlab et/ou Python est un atout ;
- Aptitudes pour le travail en groupe et les collaborations à distance ;
- Rigueur, capacité de rédaction (en français et anglais) et de communication des résultats.

Lieu et conditions de travail

- Le stage se déroulera au Laboratoire de Biométrie et de Biologie Évolutive (UMR 5558, Lyon) en collaboration étroite avec l'Université de Trondheim (Norvège) (<https://www.ntnu.edu/cbd>) pour une durée de 6 mois.
- Période du stage : 1^{er} semestre 2021

Encadrement-contact

Le stage sera encadré par :

- Christophe Coste (Université de Trondheim)
- Marlène Gamelon (CNRS, Lyon).

Pour contact et renseignements, envoyez un courriel à Christophe Coste

(christophe.f.d.coste@ntnu.no) et Marlène Gamelon (marlene.gamelon@univ-lyon1.fr).