



STAGE DE RECHERCHE M2 ECOLOGIE EVOLUTION GENOMIQUE Rentrée 2021

Modélisation démo-génétique de populations de souris insulaires : comprendre la dynamique d'une espèce invasive et tester sa co-évolution avec l'histoire humaine.

Université Claude Bernard Lyon 1

Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive UMR CNRS 5558 Villeurbanne

Encadrants : Sébastien Devillard* (sebastien.devillard@univ-lyon1.fr), Pascale Chevret (pascale.chevret@univ-lyon1.fr), Sabrina Renaud (sabrina.renaud@univ-lyon1.fr)

*contact pour le stage

En collaboration avec Emilie Hardouin, Bournemouth University, GB

Contexte

Associée à l'homme dès sa sédentarisation dans le Croissant Fertile il y a environ 15 000 ans (Weissbrod et al., 2017), la souris domestique (*Mus musculus*) a suivi la dispersion des peuples anciens puis modernes, faisant d'elle l'une des espèces invasives les plus performantes au monde. Ayant été transportée lors des échanges maritimes et commerciaux, sa distribution reflète l'histoire des populations humaines (García-Rodríguez et al., 2018).

Les meilleurs modèles pour étudier la dynamique de dispersion de la souris sont les contextes insulaires, pour lesquels on maîtrise bien le timing d'arrivée de la souris. Selon les zones géographiques et leur position dans le réseau d'échanges humains, l'invasion de la souris a pu se produire dès le Néolithique, comme à Chypre (Cucchi, Vigne, & Auffray, 2005), au Moyen-Age, comme aux Orcades (Searle et al., 2009), ou aussi récemment que le 19^e siècle, comme sur les îles subantarctiques (Hardouin et al., 2010). La position plus ou moins isolée des îles a ensuite pu conduire à des introductions multiples (García-Rodríguez et al., 2018) jusqu'à une complète résilience à d'autres phases d'invasion (Hardouin et al., 2010). La structure des populations de souris n'est donc pas seulement le produit des phases initiales d'invasion, mais également par les échanges postérieurs. Les souris étant essentiellement dispersées comme « passagers clandestins » des échanges humains, la structure des populations de souris pourrait faire écho à la structure des populations humaines, mise en évidence par la génétique des populations (Gilbert et al., 2019).

Objectif du stage. – Des jeux de données microsatellites (18 ou 19 marqueurs selon les études) sont disponibles pour documenter les populations de souris de systèmes insulaires contrastés en terme d'ancienneté de l'invasion, de l'intensité des échanges mais également des conditions environnementales pouvant impacter le cycle de vie de la souris. Les modèles envisagés sont Chypre (García-Rodríguez et al., 2018; Hardouin et al., 2015), l'archipel des Orcades (Chevret et al., 2021), et les îles subantarctiques (Hardouin et al., 2010). L'île de Chypre a été colonisée très tôt, avec probablement des vagues d'invasions successives en lien avec l'intense trafic maritime en Méditerranée Orientale (Cucchi, 2008). Des microsatellites sont disponibles dans deux études (N = 191 souris dans García-Rodríguez et al. 2018 vs N = 28 souris dans Hardouin et al. 2015), avec un moins bon échantillonnage sur l'île mais une meilleure couverture des populations circumméditerranéennes potentiellement sources des invasions (Israël, Liban, Syrie, Turquie, Bulgarie) dans l'étude de Hardouin et al. 2015. Sept îles de l'archipel des Orcades ont été échantillonnées pour un total de 279 souris (Chevret et al., 2021). Le contexte subantarctique est documenté par

les Kerguelen (8 populations sur Grande Terre et 7 autres îles échantillonnées pour un total de N=433 souris), les Malouines (5 îles, N=26 souris) ainsi que 5 autres îles subantarctiques (Marion, Sout Georgia, Antipodes, Macquarie, Auckland, N=93 souris).

L'objectif sera d'analyser ces jeux de données au moyen des outils de génétique des populations, afin d'évaluer les paramètres démographiques des populations (taille efficace notamment) et de tester différents scénarios historiques qui ont pu mener à la structure géographique observée. L'ancienneté de la différenciation sera évaluée à partir de différents scénarios démographiques et historiques.

Les résultats obtenus permettront d'éclairer l'histoire évolutive des souris dans les différents contextes insulaires. La comparaison des différents jeux de données permettra d'investiguer le poids de priors comme les dates d'introduction et le temps de génération, susceptible de varier dans des contextes chauds (Chypre) et froids (subantarctiques), ainsi que d'évaluer l'efficacité des méthodes à retracer une histoire plus ou moins complexe d'invasions. La comparaison des deux jeux de données pour Chypre permettra d'évaluer l'importance de l'échantillonnage des populations ancestrales pour retracer des invasions multiples. La confrontation avec les données historiques et de génétique humaine disponibles dans la littérature permettra de tester si les scénarios retenus soutiennent l'hypothèse d'une association forte entre histoires humaine et murine.

Méthodes et prérequis. – Ce sujet analysera les données déjà disponibles à l'aide de différents programmes de génétique des populations sous R. Les scénarios possibles seront testés à l'aide d'une approche d'Approximate Bayesian Computation. Des bases en génétique des populations et dans l'utilisation de R sont nécessaires. La volonté de s'investir dans les approches méthodologiques, en particulier bayésiennes, est souhaitable.

Candidature. - Merci d'envoyer CV en prenant bien soin de souligner les compétences en rapport avec le sujet, Lettre de motivation et bulletins de L3 et M1 à Sébastien Devillard (sebastien.devillard@univ-lyon1.fr).

Références

- Chevret, P., Hautier, L., Ganem, G., Herman, J., Agret, S., Auffray, J.-C., & Renaud, S. (2021). Genetic structure in Orkney island mice: isolation promotes morphological diversification. *Heredity*, 126, 266-278.
- Cucchi, T. (2008). Uluburun shipwreck stowaway house mouse: molar shape analysis and indirect clues about the vessel's last journey. *Journal of Archaeological Science*, 35, 2953-2959.
- Cucchi, T., Vigne, J.-D., & Auffray, J.-C. (2005). First occurrence of the house mouse (*Mus musculus domesticus* Schwarz & Schwarz, 1943) in the Western Mediterranean: a zooarchaeological revision of subfossil occurrences. *Biological Journal of the Linnean Society*, 84, 429-445.
- García-Rodríguez, O., Andreou, D., Herman, J. S., Mitsainas, G. P., Searle, J. B., Bonhomme, F., . . . Hardouin, E. A. (2018). Cyprus as an ancient hub for house mice and humans. *Journal of Biogeography*, 45, 2618-2630.
- Gilbert, E., O'Reilly, S., Merrigan, M., McGettigan, D., Vitart, V., Joshi, P. K., . . . Wilson, J. F. (2019). The genetic landscape of Scotland and the Isles. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 116(38), 201904761.
- Hardouin, E. A., Chapuis, J.-L., Stevens, M. I., van Vuuren, J. B., Quillfeldt, P., Scavetta, R. J., . . . Tautz, D. (2010). House mouse colonization patterns on the sub-Antarctic Kerguelen Archipelago suggest singular primary invasions and resilience against re-invasion. *BMC Evolutionary Biology*, 10, 325.
- Hardouin, E. A., Orth, A., Teschke, M., Darvish, J., Tautz, D., & Bonhomme, F. (2015). Eurasian house mouse (*Mus musculus* L.) differentiation at microsatellite loci identifies the Iranian plateau as a phylogeographic hotspot. *BMC Evolutionary Biology*, 15, 26.
- Searle, J. B., Jones, C. S., Gündüz, İ., Scascitelli, M., Jones, E. P., Herman, J. S., . . . Jóhannesdóttir, F. (2009). Of mice and (Viking?) men: phylogeography of British and Irish house mice. *Proceedings of the Royal Society of London, Biological Sciences (serie B)*, 276, 201-207.
- Weissbrod, L., Marshall, F. B., Valla, F. R., Khalaily, H., Bar-Oz, G., Auffray, J.-C., . . . Cucchi, T. (2017). Origins of house mice in ecological niches created by settled hunter-gatherers in the Levant 15,000 y ago. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 114(16), 4099-4104.