

Phylogéographie comparative des rongeurs de France

Encadrants :

Pascale Chevret (pascale.chevret@univ-lyon1.fr) et Sabrina Renaud
Equipe Ecologie et Evolution des Populations
Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive – UMR 5558, Université Lyon1, Villeurbanne
Fabrice Darinot
Conservateur de la RNN du marais de Lavours, Ceyzerieu.

La phylogéographie est l'étude de la structuration entre populations au moyen d'approches génétiques (Avice, 2000). Elle permet de retracer l'histoire évolutive récente des espèces. Pour les espèces des zones tempérées, le processus majeur a été une succession de phases d'isolement des populations dans des zones refuges durant les périodes glaciaires, suivies de ré-expansions lors des interglaciaires (e.g. Filipi et al., 2015, Herman et al., 2017). Ces successions de phases d'isolement ont conduit à la différenciation de lignées au sein des espèces actuelles. L'obtention d'une phylogénie robuste et datée est un préalable à la compréhension de la mise en place de ces lignées (e.g. Ledevin et al., 2018, Chevret et al., 2020). Leur distribution géographique fournit des informations précieuses quant à la localisation des zones refuges, et aux processus de ré-expansion. Se pose notamment la question de savoir si toutes les espèces se sont repliées dans les mêmes zones refuges, et si leur ré-expansion a suivi les mêmes mouvements et connu les mêmes barrières à la dispersion.

Une trentaine d'espèces de Rongeurs sont présentes en France (Quéré et Le Louarn, 2011) et elles peuvent avoir été affectées différemment par les alternances glaciaires/interglaciaires en fonction de leurs préférences écologiques (Pedreschi et al., 2018). L'objectif de ce stage sera de compiler les données génétiques disponibles pour les espèces de rongeurs présentes en France métropolitaine et de reconstruire leur phylogéographie. Cela permettra de comparer leur répartition et leur structuration génétique afin (1) de déterminer la distribution des différentes lignées en France et dans les pays limitrophes en fonction des dernières données disponibles ; (2) de comparer la localisation des zones de contact entre lignées et des zones à forte diversité génétique ; (3) d'interpréter ces résultats en termes de zones refuges et de scénarios de ré-expansion ; (4) d'identifier des régions à cibler pour de futurs échantillonnages.

L'analyse génétique s'appuiera sur les séquences de gènes mitochondriaux déjà disponibles. Il faudra réaliser des analyses de bioinformatique en utilisant des logiciels de phylogénie et de génétique (SeaView, DNAsp, PhyML, MrBayes, POPART) et des données importées de Genbank. La répartition des lignées identifiées pour les différentes espèces seront ensuite reportées sur une carte de France pour pouvoir être comparées.

Références :

- Avice, J. C. (2000). *Phylogeography The History and Formation of Species*. Harvard University Press.
- Chevret, P., Renaud, S., Helvacı, Z., Ulrich, R. G., Quéré, J. P., & Michaux, J. R. (2020). Genetic structure, ecological versatility, and skull shape differentiation in *Arvicola* water voles (Rodentia, Cricetidae). *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 58(4), 1323–1334.
- Filipi, K., Marková, S., Searle, J. B., & Kotlík, P. (2015). Molecular Phylogenetics and Evolution Mitogenomic phylogenetics of the bank vole *Clethrionomys glareolus*, a model system for studying end-glacial colonization of Europe. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 82, 245–257.
- Herman, J. S., Johannesdóttir, F., Jones, E. P., McDevitt, Allan, D., Michaux, J. R., White, T. A., Wojcik, J., Searle, J. B., Jóhannesdóttir, F., Jones, E. P., Mcdevitt, A. D., Michaux, J. R., White, T. A., Wójcik, J. M., & Searle, J. B. (2017). Post-glacial colonization of Europe by the wood mouse, *Apodemus sylvaticus*: evidence of a northern refugium and dispersal with humans. *Biological Journal of the Linnean Society*, 120(2), 313–332.

- Ledevin, R., Chevret, P., Helvaci, Z., Michaux, J. R., & Renaud, S. (2018). Bank Voles in Southern Eurasia: Vicariance and Adaptation. *Journal of Mammalian Evolution*, 25(1), 119–129.
- Pedreschi, D., García-Rodríguez, O., Yannic, G., Cantarello, E., Diaz, A., Golicher, D., Korstjens, A. H., Heckel, G., Searle, J. B., Gillingham, P., Hardouin, E. A., & Stewart, J. R. (2019). Challenging the European southern refugium hypothesis: Species-specific structures versus general patterns of genetic diversity and differentiation among small mammals. *Global Ecology and Biogeography*, 28(2), 262–274.
- Quéré, J-P & Le louarn, H. (2011). *Les rongeurs de France : Faunistique et biologie*. 3ème édition. Editions Quae.