

Stage (3-6 mois) 2019 : Impact d'une migration temporellement fluctuante sur la structuration génétique des populations subdivisées.

L'isolement spatial entre différentes sous-populations d'une même espèce est une source majeure de diversité génétique. La théorie de génétique évolutive classique considère le plus souvent que les échanges de gènes entre sous-populations (migration, ou dispersion) est un processus continu et homogène dans le temps. Or, les échanges d'individus ou gamètes entre populations sont souvent conditionnés par des phénomènes qui peuvent être très variables temporellement, comme les phénomènes climatiques (fluctuations climatiques interannuelles ou à plus grande échelle temporelle, variations du niveau de la mer, événements extrêmes), des phénomènes comportementaux (dispersions de groupe ou solitaires) ou encore anthropiques (transports involontaire d'individus sur de grandes distances (2)). Ainsi, la répartition temporelle et l'intensité (nombre d'individus dispersés) des événements de migration vont être modélisés par ces différents phénomènes fluctuants. Toutefois, peu d'études ont étudié les conséquences de flux de gènes variables temporellement sur les processus de divergence génétique de sous-populations. Évaluer ces conséquences permettrait une compréhension plus fine des phénomènes de différenciation génétique, d'adaptation locale, et à plus longue échelle de spéciation, connaissances également utiles dans une perspective de préservation de la biodiversité dans un environnement changeant.

Ce stage propose ainsi d'explorer mathématiquement les conséquences de processus de migration variables temporellement sur le niveau de différenciation génétique des populations. Le point de départ sera le modèle de Wright-Fisher en îles infinies, dans lequel nous incorporerons un processus de migration entre sous-populations pouvant varier dans son intensité selon une chaîne de Markov (1). Cette approche flexible permet de décrire différents scénarios de fluctuations (fluctuations indépendantes, auto-corrélées dans le temps, phénomènes périodiques,...). La probabilité d'identité par descendance des allèles et le niveau attendu de divergence génétique neutre seront alors analysés dans les différents scénarios. A cette fin, l'étudiant conduira des simulations stochastiques du modèle, complétées par son analyse mathématique. Les résultats permettront d'approfondir des résultats déjà obtenus par l'équipe dans un modèle à deux populations en temps continu, et ainsi de mieux comprendre comment le type de flux de gènes conditionne le niveau de divergence des populations.

Mots clés : Wright-Fisher model, Infinite island model, Markov process, Evolutionary genetics

Références :

- (1) F. Rousset, *Genetic Structure and Selection in Subdivided Populations*, Princeton University Press, 2013
- (2) Carlton et al. *Tsunami-driven rafting : Transoceanic species dispersal and implications for marine biogeography*. Science, 2017

Profil recherché : connaissances de base en génétique des populations et biologie de l'évolution ; goût pour l'analyse mathématique et la programmation ; connaissance des langages de programmation (JAVA et/ou R)

Encadrants : Flora Aubree, Vincent Calcagno, Thomas Guillemaud

Équipe : Institut Sophia Agrobiotech (INRA Sophia Antipolis), équipes M2P2 (Modèles et Méthodes pour la Protection des Plantes) et BPI (Biologie des Populations Introduites)

Envoyer CV + lettre de motivation à flora.aubree@inra.fr

Gratification : 3.60 euros par heure travaillée sur une base de 35 h hebdomadaires. Possibilité d'hébergement sur place à bas prix pour les stagiaires (chambres INRA) et de participation aux frais de déplacement le cas échéant.