

## **Intitulé : Connectivité génétique des populations de Sonneurs à ventre jaune en milieu anthropisé**

### *Contexte :*

Il est maintenant bien établi que l'anthropisation des milieux, par changement d'usage des terres et des pratiques qui lui sont associées, représente l'un des principaux facteurs de déclin des populations et plus globalement d'érosion de la biodiversité. Ces changements ne se soldent pas uniquement par un changement de l'espace adaptatif imposé aux organismes mais aussi par une altération des traits d'histoire de vie impliqués eux-mêmes dans les processus évolutifs, notamment la dispersion. Si pour la très grande majorité des espèces, cela semble se traduire par un vortex d'extinction, certains organismes montrent une certaine capacité à s'adapter à ces changements. C'est notamment le cas d'une petite espèce d'amphibien, le Sonneur à ventre jaune, pour laquelle plusieurs études démographiques et expérimentales (i.e. en jardin commun) ont permis de détailler les changements de traits d'histoire de vie (comportemental, morphologique, dispersion, survie, croissance) en fonction de l'anthropisation de leur habitat [1,2]. En plus de ces processus sélectifs, l'anthropisation des habitats et les activités humaines associées peuvent affecter la structure génétique neutre et adaptative des populations au travers de la dérive génétique et des flux géniques. Les activités humaines sont susceptibles d'influencer la taille des populations, en affectant par exemple la quantité et la qualité des habitats disponibles, et ainsi moduler l'amplitude des effets de la dérive génétique [3,4]. De plus, l'anthropisation des habitats peut impacter les taux et les distances de dispersion, et de ce fait impacter les flux géniques et modifier la structure génétique neutre et adaptative [3,4].

### *Objectif :*

L'objectif du programme de recherche dans lequel s'inscrit le stage de M2 vise à utiliser les nouvelles méthodes de séquençage (en l'occurrence du RAD-Seq) afin, d'une part, examiner de quelle façon l'anthropisation à l'échelle du paysage et les changements de stratégie démographique au niveau des habitats utilisés par cette espèce affectent les flux géniques et la structuration spatiale des populations, et d'autre part, évaluer l'importance relative des réponses adaptatives à l'anthropisation des milieux. Pour cela, deux plans d'échantillonnage génétique ont été réalisés, l'un correspondant à un échantillonnage aléatoire stratifié régional, l'autre à un échantillonnage à l'échelle nationale de populations situées sur un gradient d'anthropisation des milieux dont une partie sont aussi suivie démographiquement. L'ensemble des échantillons d'ADN ont été extraits et sont actuellement en cours de séquençage (livrable fin Automne 2022). Le stage de M2 aura pour objectif d'**évaluer l'influence de l'anthropisation des milieux sur la connectivité génétique des populations de Sonneurs à ventre jaune** à partir de l'échantillonnage régional stratifié. Deux approches de génétique du paysage seront utilisées pour évaluer la connectivité génétique des populations à l'échelle de la région Rhône-Alpes (par superposition de la structuration génétique à la matrice paysagère, et par analyse corrélative de matrices appariées) [3,5]. A cette fin, un modèle de niche bioclimatique établi sur données de présence ainsi que les données d'occupation du sol seront utilisés pour établir leur influence sur la différenciation génétique à l'échelle d'une partie de la région Rhône-Alpes.

*Profil recherché :* Une forte appétence pour la bio-informatique et la programmation de façon générale est nécessaire.

*Période de stage :* Janvier à Juin 2023

*Structure d'accueil :* LEHNA UMR-CNRS 5023, Université Claude Bernard Lyon1

*Encadrants :* H. Cayuela (LBBE, Univ Claude Bernard Lyon1, [hugo.cayuela51@gmail.com](mailto:hugo.cayuela51@gmail.com) ) J.P. Léna (LEHNA, Univ Claude Bernard Lyon1, [jean-paul.lena@univ-lyon1.fr](mailto:jean-paul.lena@univ-lyon1.fr) )

- [1] Cayuela et al. 2020. Anthropogenic disturbance drives dispersal syndromes, demography, and gene flow in amphibian populations. *Ecological Monographs*, 90(2), e01406, 1-25.
- [2] Cayuela et al. 2022. Compensatory recruitment allows amphibian population persistence in anthropogenic habitats. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, National Academy of Sciences*, 119 (38), e2206805119.
- [3] Anderson et al. 2010. Considering spatial and temporal scale in landscape-genetic studies of gene flow. *Molecular Ecology* 19, 3565-3575.
- [4] Storfer et al. 2018. Navigating the Interface Between Landscape Genetics and Landscape Genomics. *Frontiers in Genetics* 9:68 ; doi: 10.3389/fgene.2018.00068.
- [5] Balkenhol et al. ed. 2016. *Landscape Genetics: Concepts, Methods, Applications*. Willey Blackwell 264 pp.