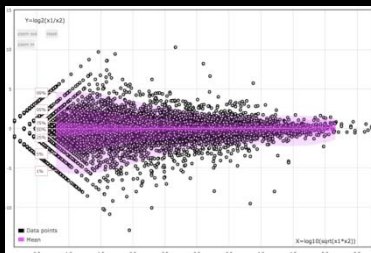
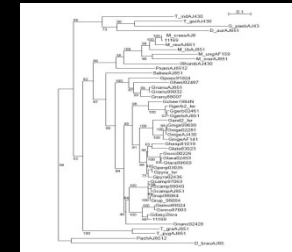
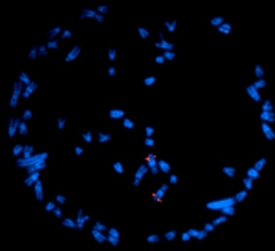


Gerbillus nigeriae :

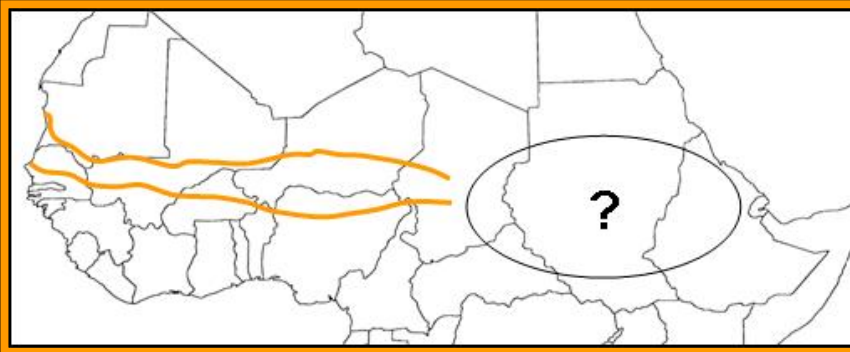
Aspects chromosomiques et phylogéographiques



Gauthier DOBIGNY
Philippe GAUTHIER
Karmadine HIMA



***Gerbillus nigeriae* : un « bio-indicateur sahélien » ravageur de cultures**



DYNAMIQUE DES POPULATIONS

- populations cycliques
- très faible dispersion

PHYSIOLOGIE

- forte capacité de rétention d'eau

BIOGEOGRAPHIE

- sahélien strict
- colonisation vers le sud (Sénégal)



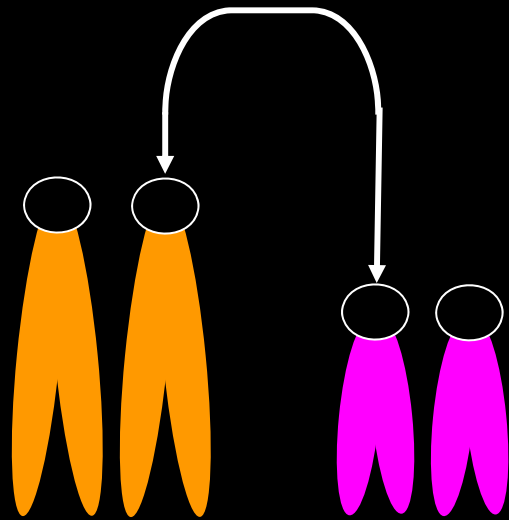
Bulletins phytosanitaires (DGPV, Niger) :

- entre 1995 et 2011, 149 “attaques de rongeurs” signalées sur céréales
- 57 communes rurales et 6 (des 8) régions du Niger concernées
- seuls 7 bulletins avec des données quantitatives
- entre 5-15% (N=2) et 30-60% (N=5) de semis détruits.



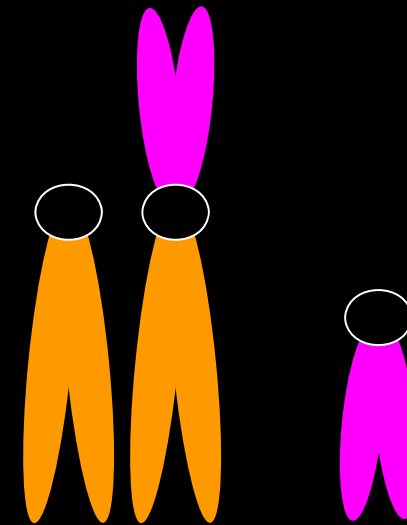
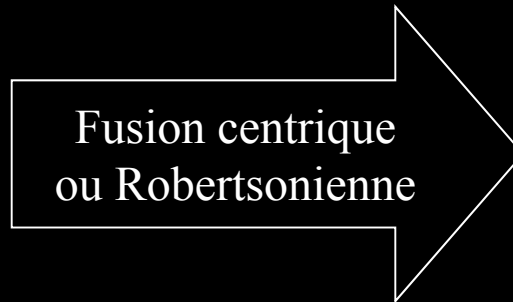
Polymorphisme chromosomique

$2N=60-74$ chromosomes



4 chromosomes acrocentriques

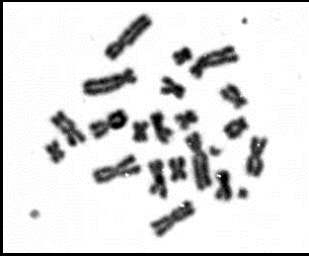
$2N = 4 / NF = 8$



1 chromosome (sub) métacentrique

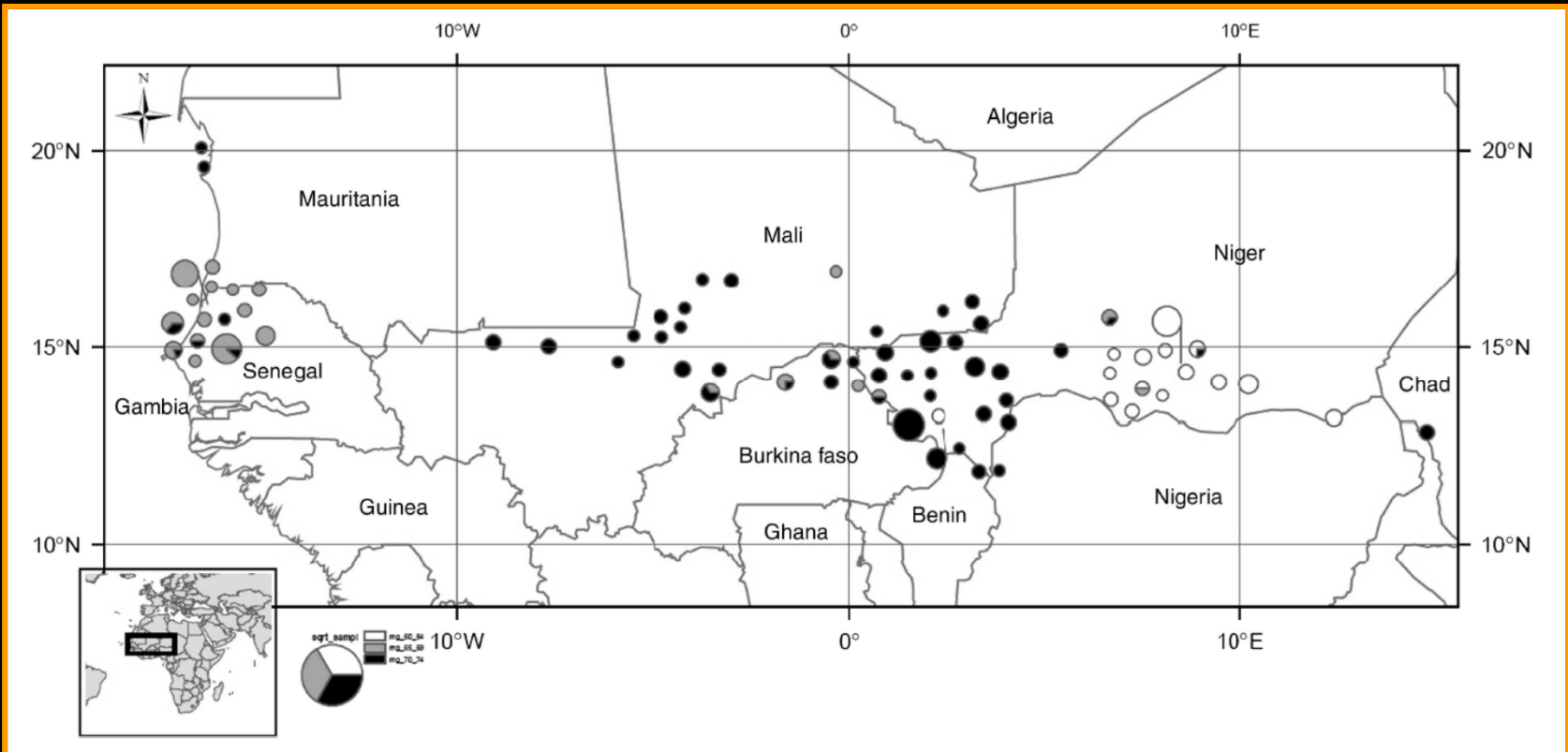
2 chromosomes acrocentriques

$2N = 3 / NF = 8$



Polymorphisme chromosomique

N = 378 individus caryotypés provenant de 79 localités

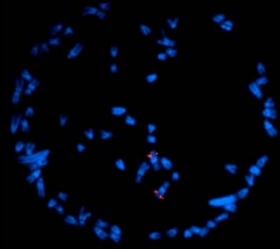


Sur toutes les localités avec au moins 3 individus → toujours au moins 2 valeurs de 2N
Beaucoup de valeurs de 2N impaires = hétérozygotes



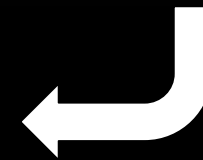
Quelques questions...

- D'un point de vue reproducteur :
 - Effets des fusions sur la méiose chez les hétérozygotes ?
 - Barrière reproductive ?
- D'un point de vue génomique :
 - Structures intervenant dans les fusions ?
 - Conséquences des fusions au niveau expression génique et épigénétique ?
- D'un point de vue populationnelle :
 - Chromosomes impliquées dans les fusions ?
 - Fréquences de ces fusions dans les populations ?
 - Structuration géographique ?

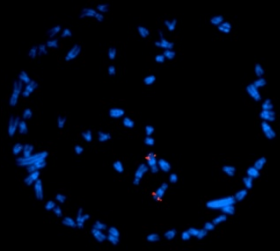


Identification des chromosomes impliqués dans les fusions Rb

Construction d'une banque de BACs



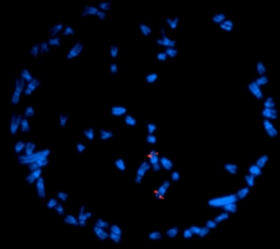
Marquage
fluoré et
hybridation



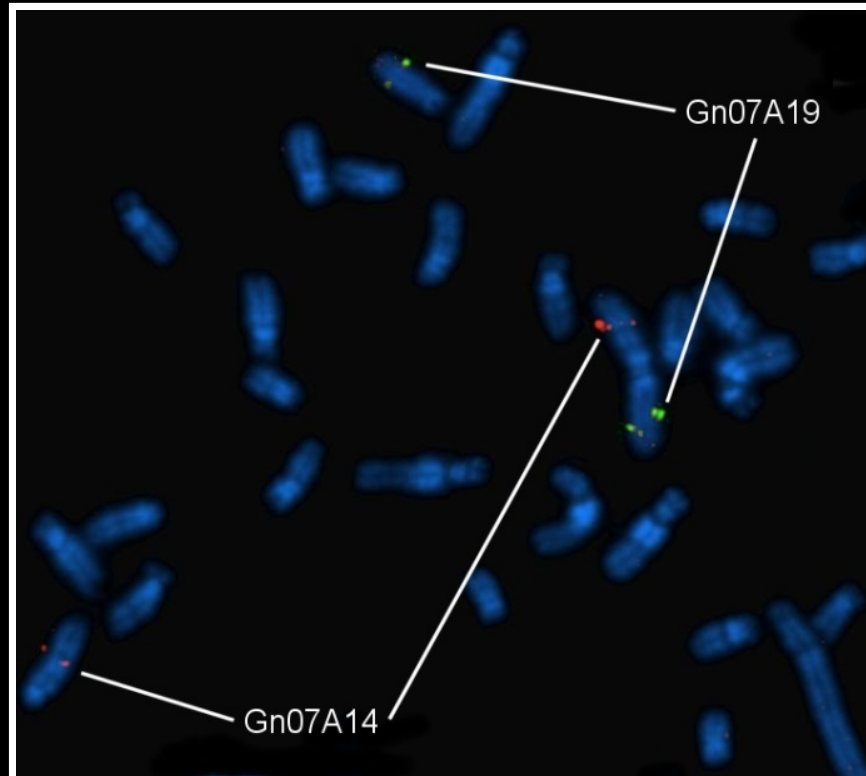
Identification des chromosomes impliqués dans les fusions Rb

Paire n°	1	2	3	4	5	6	7	8
BAC n°	Gn07O14 Gn07L20	Gn07K21 Gn07E15	Gn07E14	Gn07O15	Gn07P18	Gn07C20	Gn07O23	Gn07K22
Position et couleur								

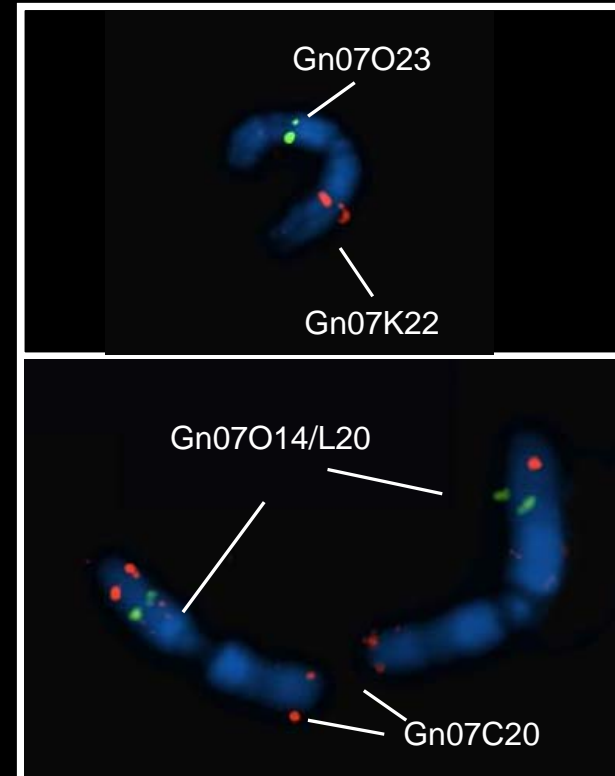
→ 16 paires identifiées sur les 36 paires d'autosomes



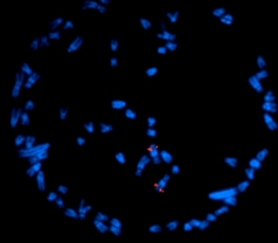
Identification des chromosomes impliqués dans les fusions Rb



$2N = 73$
(Kollo, Niger)



$2N = 71$
(Pekh Tal, Sénégal)

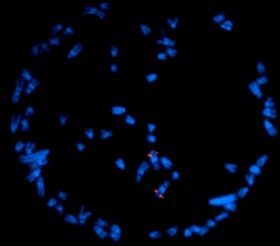


Caractérisation des fusions Rb au niveau populationnel

→ Population de Kollo (Niger), 2N=70-74, 55 individus

individu (culture)	Sexe	2N	Fusions			
			F1	F2	F3	F4
KOL71	F	74				
KOL111	M	74				
KOL135	M	74				
KOL136	M	74				
KOL154	M	74				
KOL162bis (14-017)	F	74				
KOL218bis (14-029)	F	74				
KOL224bis (14-026)	F	74				
KOL146bis (14-034)	F	74				
KOL109	M	73	1x6			
KOL113	M	73	1x6			
KOL114	M	73	1x6			
KOL127	F	73	1x6			
KOL128	M	73	1x6			
KOL134	M	73	1x6			
KOL61	F	73	7x8			
KOL137	M	73	7x8			
KOL146	M	73	7x8			
KOL148	F	73	7x8			
KOL191bis (14-025)	F	73	7x8			
KOL56	M	73	9x10			
KOL117	M	73	9x10			
KOL125	M	73	9x10			
KOL129	M	73	9x10			
KOL141	F	73	9x10			
KOL154bis (14-022)	F	73	9x10			
KOL151bis (14-018)	F	73	9x10			
KOL136bis (14-016)	F	73	9x10			
KOL187bis (14-015)	F	73	9x10			
KOL149bis (14-033)	M	73	9x10			

individu (culture)	Sexe	2N	Fusions			
			F1	F2	F3	F4
KOL57	F	72	1x6	7x8		
KOL58	F	72	1x6	7x8		
KOL110	F	72	1x6	7x8		
KOL152bis (14-014)	F	72	1x6	7x8		
KOL214bis (14-027)	F	72	1x6	7x8		
KOL161bis (14-035)	F	72	1x6	7x8		
KOL182bis (14-036)	F	72	1x6	7x8		
KOL64	M	72	1x6	9x10		
KOL147bis (14-019)	F	72	1x6	9x10		
KOL116	F	72	7x8	7x8		
KOL52	M	72	7x8	9x10		
KOL62	F	72	7x8	9x10		
KOL73	F	72	11x?	9x10		
KOL222bis (14-030)	F	72	9x10	9x10		
KOL207bis (14-028)	F	72	9x10	9x10		
KOL133	M	71	1x6	1x6	7x8	
KOL152	M	71	1x6	7x8	7x8	
KOL124	M	71	1x6	9x10	9x10	
KOL69	M	71	1x6	7x8	9x10	
KOL104	M	71	1x6	7x8	9x10	
KOL155	M	71	1x6	7x8	9x10	
KOL199bis (14-024)	F	71	1x6	7x8	9x10	
KOL72	M	71	7x8	9x10	9x10	
KOL142	F	71	7x8	9x10	9x10	
KOL87	M	70	1x6	1x6	7x8	9x10



Caractérisation des fusions Rb au niveau populationnel

Dans une population présentant 3 types de fusion, on s'attend à observer :

$2N=74$  ...


$2N=73$  ...

$2N=72$  ... ou

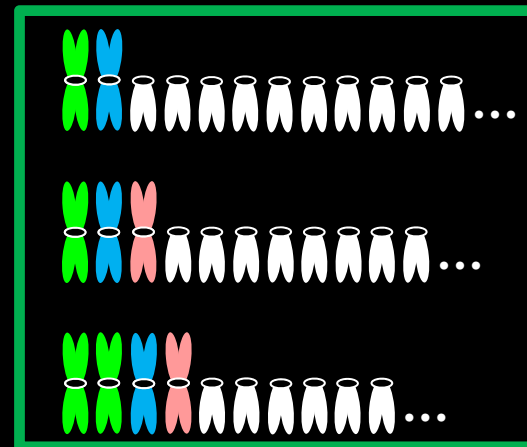
$2N=71$  ... ou

$2N=70$  ... ou

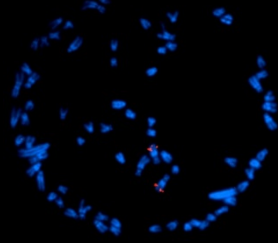
~~$2N=69$  ...~~

~~$2N=68$  ...~~

Non observés



Cas les plus fréquents
(hétérozygotie max.)



Caractérisation des fusions Rb au niveau populationnel

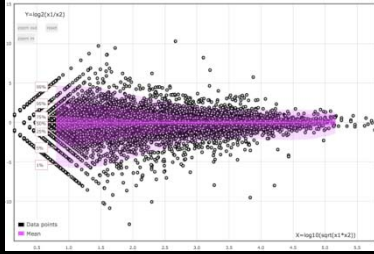
individu (culture)	Sexe	2N	Fusions			
			F1	F2	F3	F4
KOL71	F	74				
KOL111	M	74				
KOL135	M	74				
KOL136	M	74				
KOL154	M	74				
KOL162bis (14-017)	F	74				
KOL218bis (14-029)	F	74				
KOL224bis (14-026)	F	74				
KOL146bis (14-034)	F	74				
KOL109	M	73	1x6			
KOL113	M	73	1x6			
KOL114	M	73	1x6			
KOL127	F	73	1x6			
KOL128	M	73	1x6			
KOL134	M	73	1x6			
KOL61	F	73	7x8			
KOL137	M	73	7x8			
KOL146	M	73	7x8			
KOL148	F	73	7x8			
KOL191bis (14-025)	F	73	7x8			
KOL56	M	73	9x10			
KOL117	M	73	9x10			
KOL125	M	73	9x10			
KOL129	M	73	9x10			
KOL141	F	73	9x10			
KOL154bis (14-022)	F	73	9x10			
KOL151bis (14-018)	F	73	9x10			
KOL136bis (14-016)	F	73	9x10			
KOL187bis (14-015)	F	73	9x10			
KOL149bis (14-033)	M	73	9x10			

individu (culture)	Sexe	2N	Fusions			
			F1	F2	F3	F4
KOL57	F	72	1x6	7x8		
KOL58	F	72	1x6	7x8		
KOL110	F	72	1x6	7x8		
KOL152bis (14-014)	F	72	1x6	7x8		
KOL214bis (14-027)	F	72	1x6	7x8		
KOL161bis (14-035)	F	72	1x6	7x8		
KOL182bis (14-036)	F	72	1x6	7x8		
KOL64	M	72	1x6	9x10		
KOL147bis (14-019)	F	72	1x6	9x10		
KOL116	F	72	7x8	7x8		
KOL52	M	72	7x8	9x10		
KOL62	F	72	7x8	9x10		
KOL73	F	72	11x?	9x10		
KOL222bis (14-030)	F	72	9x10	9x10		
KOL207bis (14-028)	F	72	9x10	9x10		
KOL133	M	71	1x6	1x6	7x8	
KOL152	M	71	1x6	7x8	7x8	
KOL124	M	71	1x6	9x10	9x10	
KOL69	M	71	1x6	7x8	9x10	
KOL104	M	71	1x6	7x8	9x10	
KOL155	M	71	1x6	7x8	9x10	
KOL199bis (14-024)	F	71	1x6	7x8	9x10	
KOL72	M	71	7x8	9x10	9x10	
KOL142	F	71	7x8	9x10	9x10	
KOL87	M	70	1x6	1x6	7x8	9x10

	Homozygote NFxNF	Hétérozygote NFxF	Homozygote FxF
1x6	32 (58,2%)	21 (38,2%)	2 (3,6%)
7x8	31 (56,4%)	22 (40%)	2 (3,6%)
9x10	30 (54,5%)	20 (36,4%)	5 (9,1%)
11x?	54 (98,2%)	1 (1,8%)	0 (0%)

	NF	F
1x6	85 (77,3%)	25 (22,7%)
7x8	84 (76,4%)	26 (23,6%)
9x10	80 (72,7%)	30 (27,2%)
11x?	109 (99,1%)	1 (0,9%)

2N	Effectif	1x6	7x8	9x10	11x?
74	9				
73	21	28,57%	23,81%	47,62%	0%
72	15	30,00%	36,7%	30%	3,33%
71	9	29,63%	33,33%	37,04%	0%
70	1	50,00%	25,00%	25,00%	0%

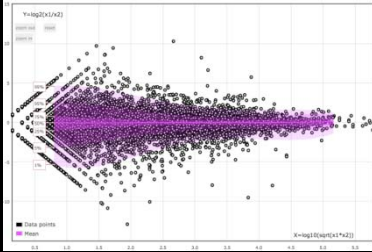


Fusions Rb et expression génique

Les fusions Rb ont-elles un impact sur l'expression génique ?
→ RNAseq

Les différents critères de sélection des individus :

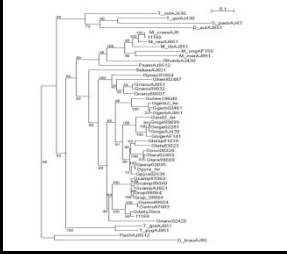
- Population : Kollo
- Individus ♀ adultes
- 6 à 8 semaines en animalerie
- Fusion : 9 x 10
- 2N=74, 73 et 72 chromosomes (au moins 3 par cytotype)
- 4 organes (cerveau, cœur, rein, fibroblastes) + cristallin



Fusions Rb et expression génique

Echantillonnages Kollo juillet et octobre 2014 :

- capturés : 94
 - prélevés : 31
 - cultures cellulaires : 31 (dont 6 en cours)
 - BAC-FISH : 18 (+ 6 non à faire)
- 9 répondent aux différents critères :
- 3 individus $2N=74$
 - 4 individus $2N=73$
 - mais seulement 2 individus $2N=72...$
- Transcriptomes de référence ($2N=74$) en cours d'analyse...
 - Séquençage MiSeq des BAC Gn07A14 (chr. 9) et Gn07A19 (chr.10) → mappent respectivement sur chr.17 et chr.3 de *Mus*

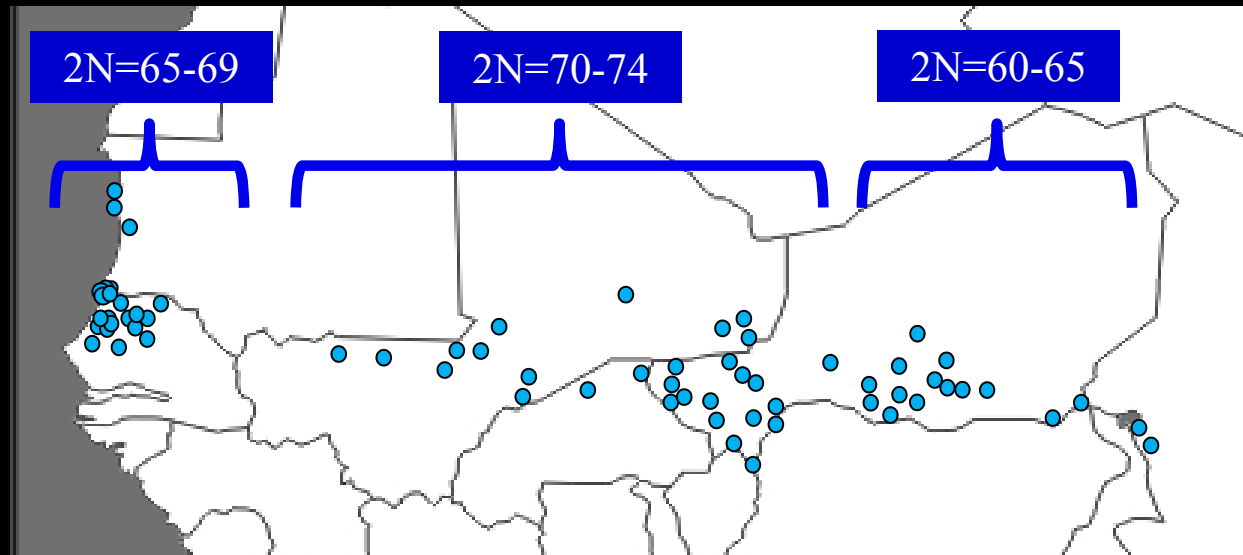


Étude phylogéographique

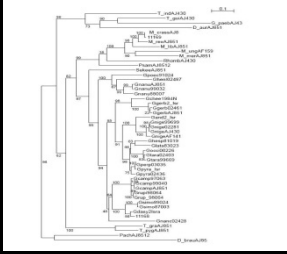
12 gènes nucléaires et mitochondriaux testés → non résolutifs...
→ RADseq

72 individus/localités d'Afrique de l'ouest :

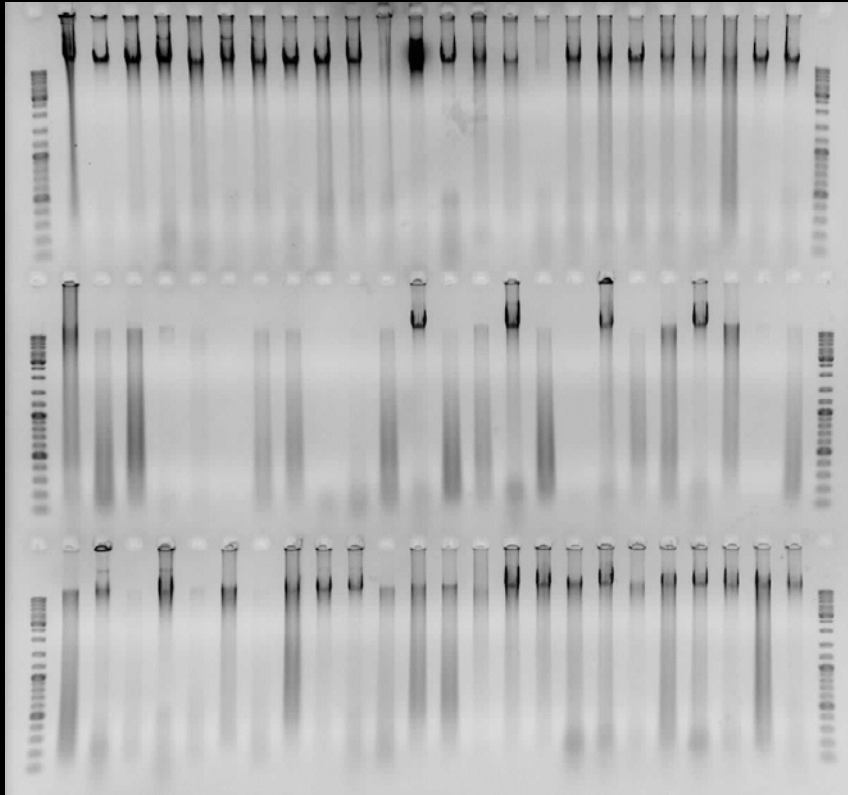
- Mauritanie : 11
- Sénégal : 16
- Mali : 12
- Burkina Faso : 2
- Niger : 29
- Tchad : 2



Étude phylogéographique

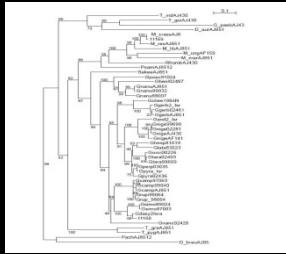


Après extraction des ADN...

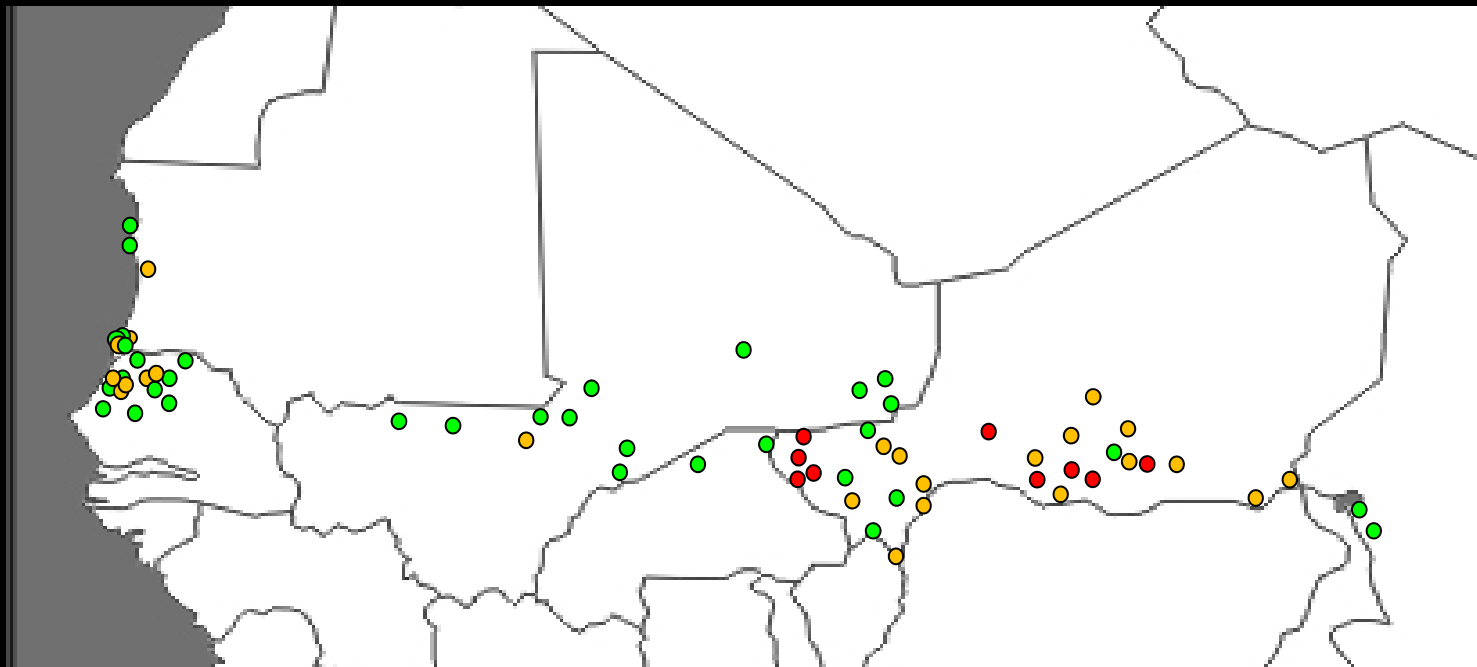


- 39 ADN de bonne qualité
- 24 ADN +/- dégradés
- 9 ADN très dégradés

Attention à la conservation des échantillons !!!

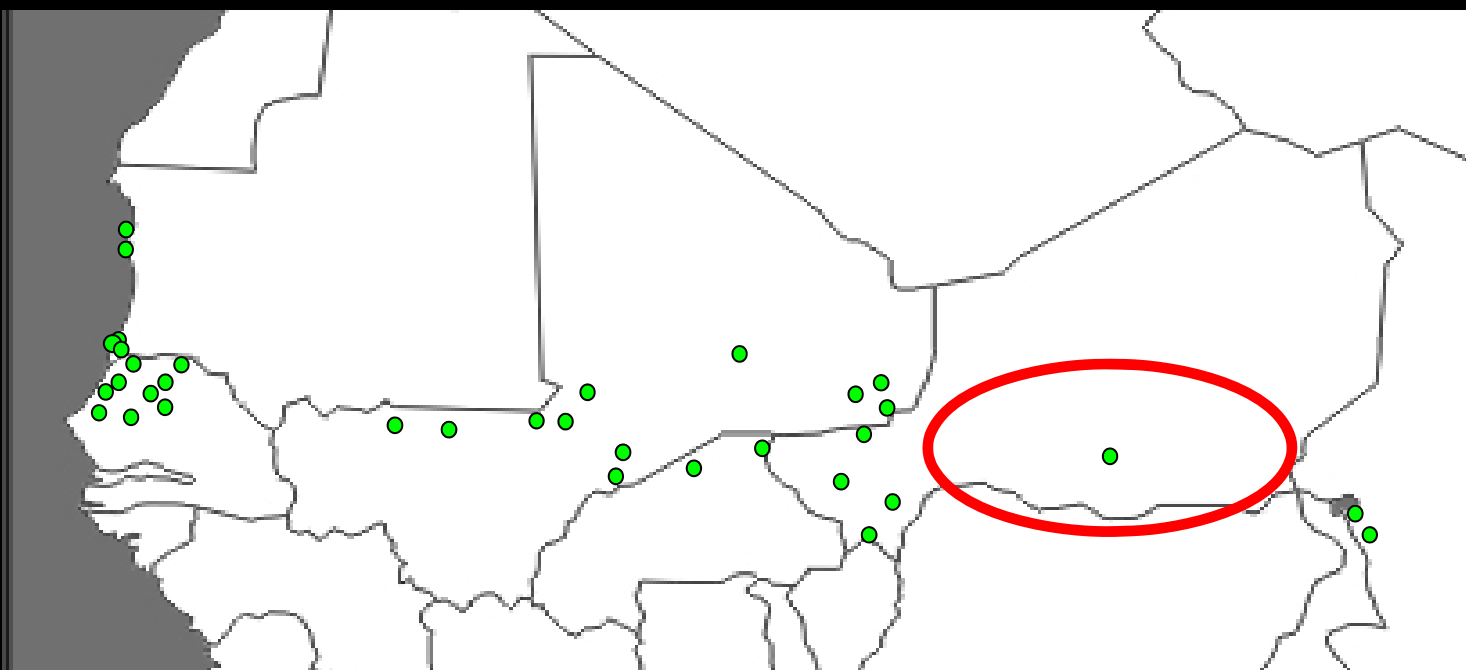
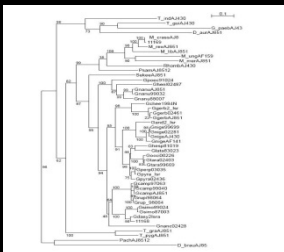


Étude phylogéographique



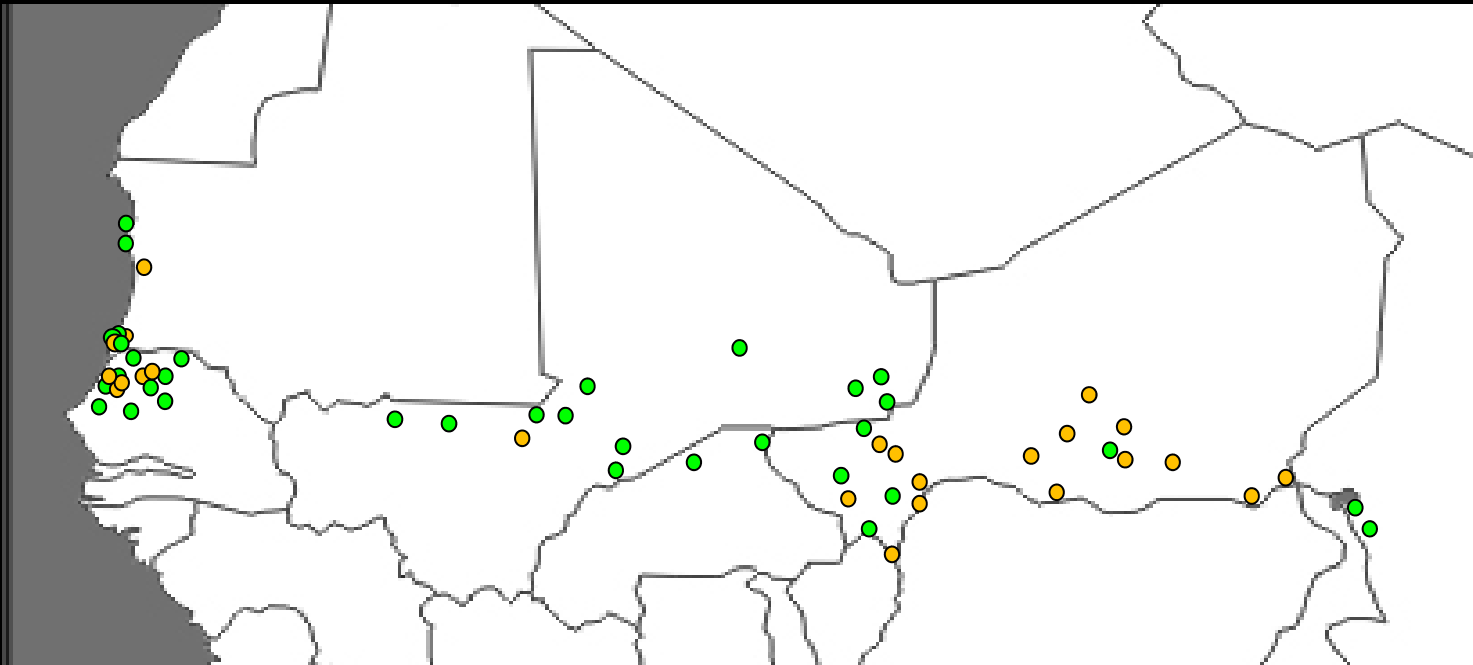
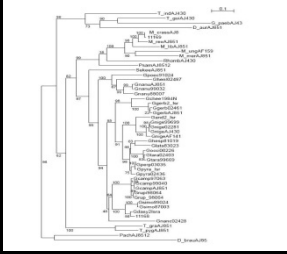
- 39 ADN de bonne qualité
- 24 ADN +/- dégradés
- 9 ADN très dégradés

Étude phylogéographique

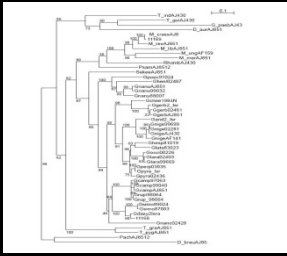


- 39 ADN de bonne qualité
- 24 ADN +/- dégradés
- 9 ADN très dégradés

Étude phylogéographique

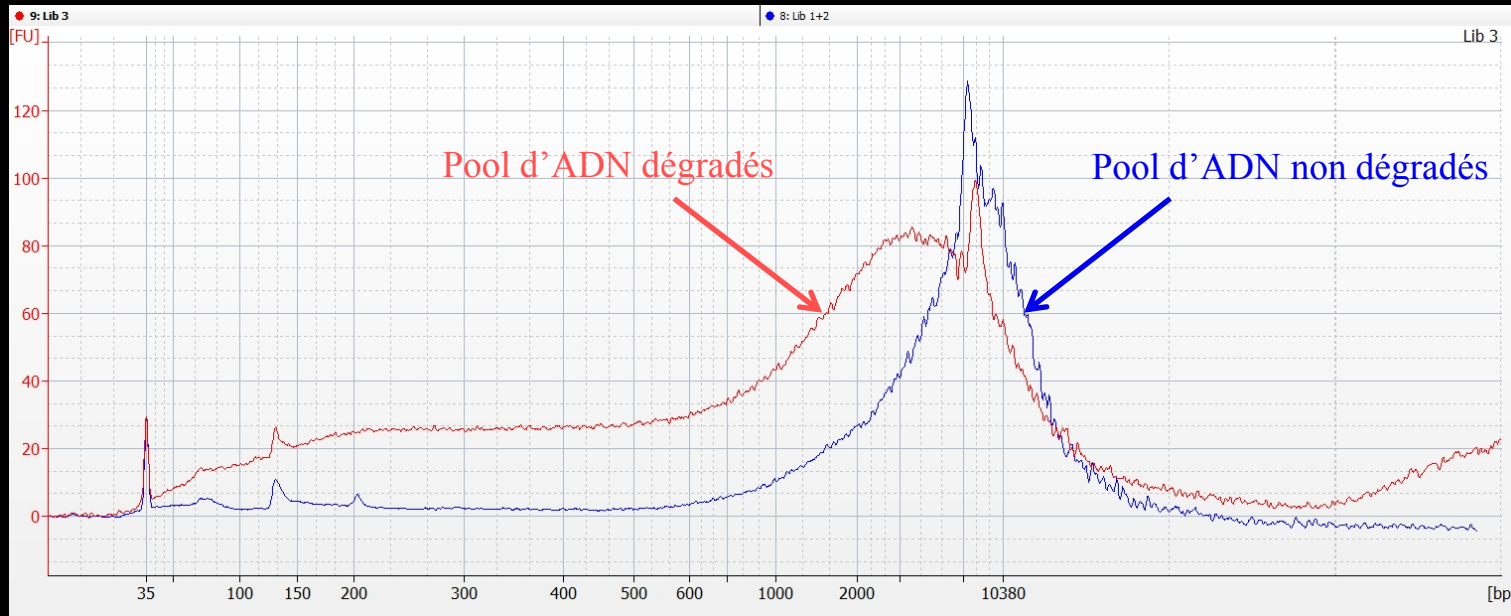


→ 63 individus conservés pour le RADseq
mais ADN non dégradés et ADN dégradés traités séparément

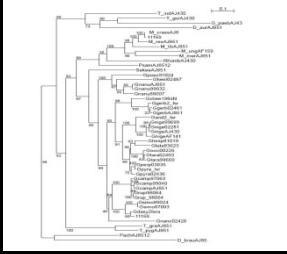


Étude phylogéographique

Après digestion par *Sbf*I, ligation des adaptateurs P1 et pool des ADN...

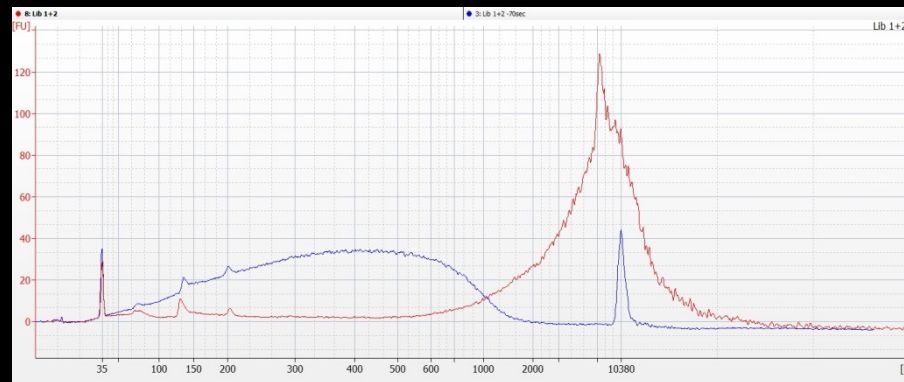


Étude phylogéographique

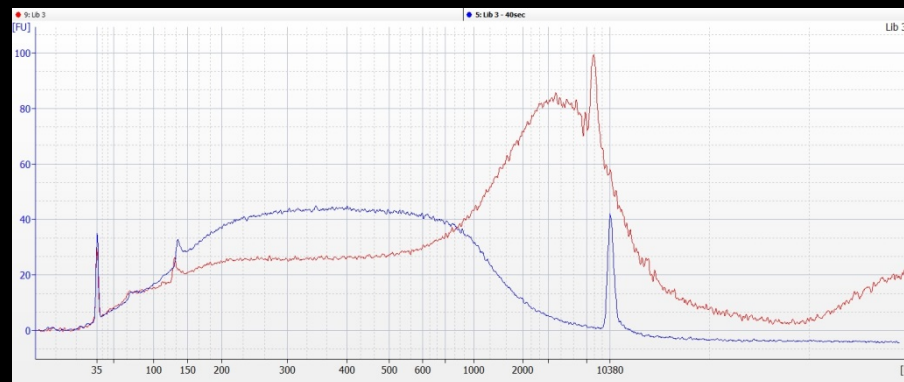


Après sonication...

ADN non dégradés
Temps de sonication = 75 sec



ADN dégradés
Temps de sonication = 35 sec

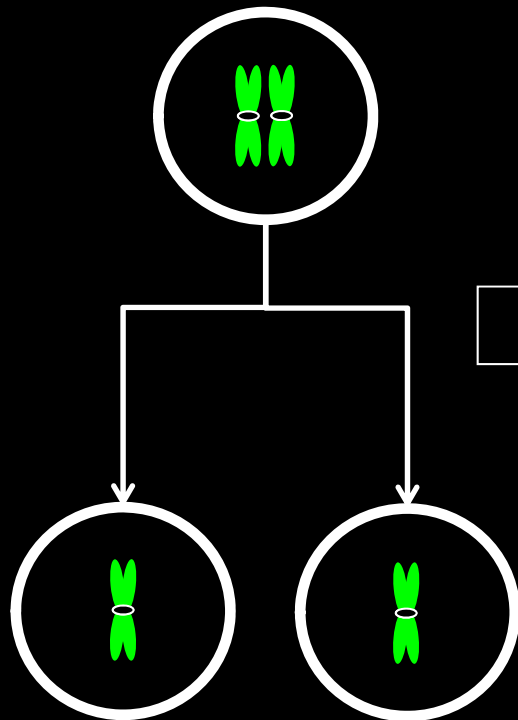


MERCI !!!



Caractérisation des fusions Rb au niveau populationnel

Fusion homozygote



Méiose

Fusion hétérozygote

