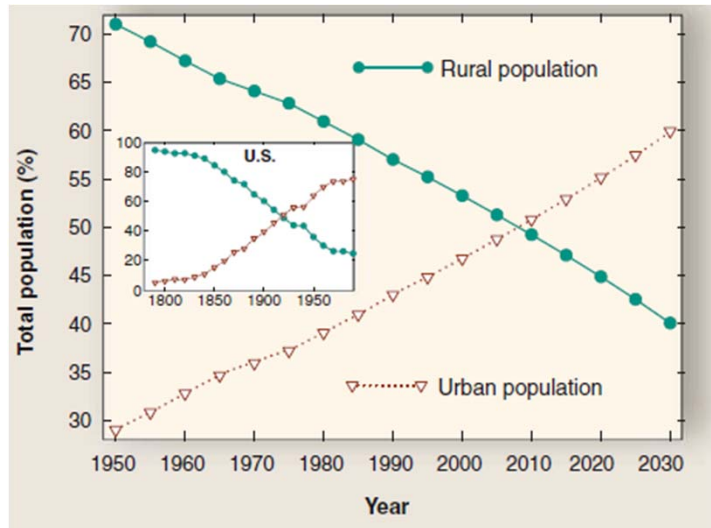


## Biologie des populations urbaines de rongeurs invasifs à Dakar, Sénégal

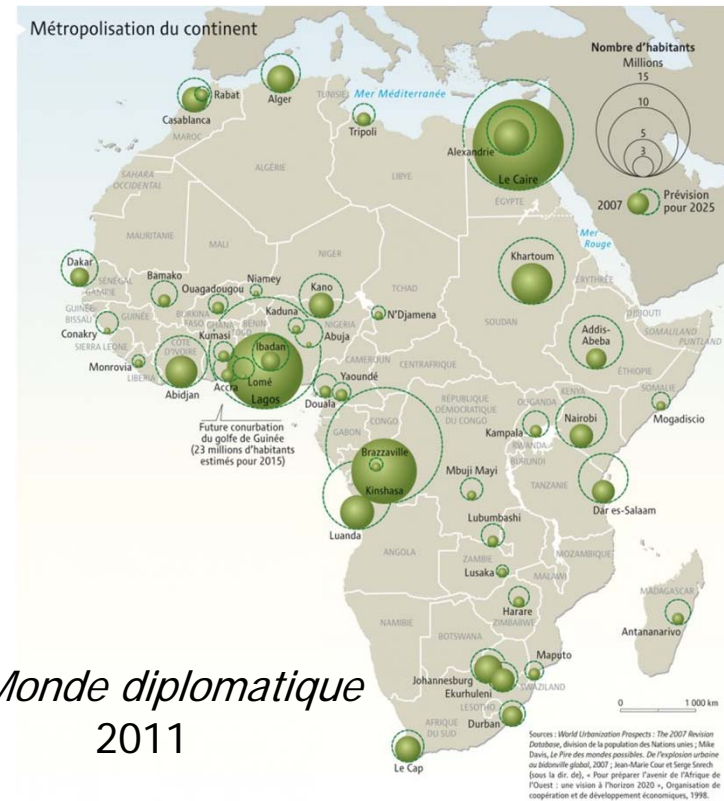


**Claire Stragier**, Anne Loiseau, Mamadou Kane, Aliou Sow, Mamoudou Diallo,  
Youssou Niang, Philippe Gauthier, Maxime Galan, Laurent Granjon, Carine Brouat

# La ville: un écosystème en pleine expansion



Grimm *et al.* 2008 *Science*



*Le Monde diplomatique*  
2011



Commensal taxa (see Glossary) have been major contributors to the human-mediated biodiversity crisis [1,2], are implicated in zoonoses [3], and were possible sources of domesticates [4,5]; thus, they have a profound impact on life on Earth. However, many aspects of this relationship, and the ecological and evolutionary processes associated with commensal taxa, are surprisingly poorly understood. This stems from the seemingly simple definition of com-

Hulme-Beaman *et al.* 2016 *Trends Ecol. Evol.*

➡ Mieux connaître l'écologie des populations urbaines = prérequis pour leur gestion



# Dakar, Sénégal: une ville d'envergure internationale



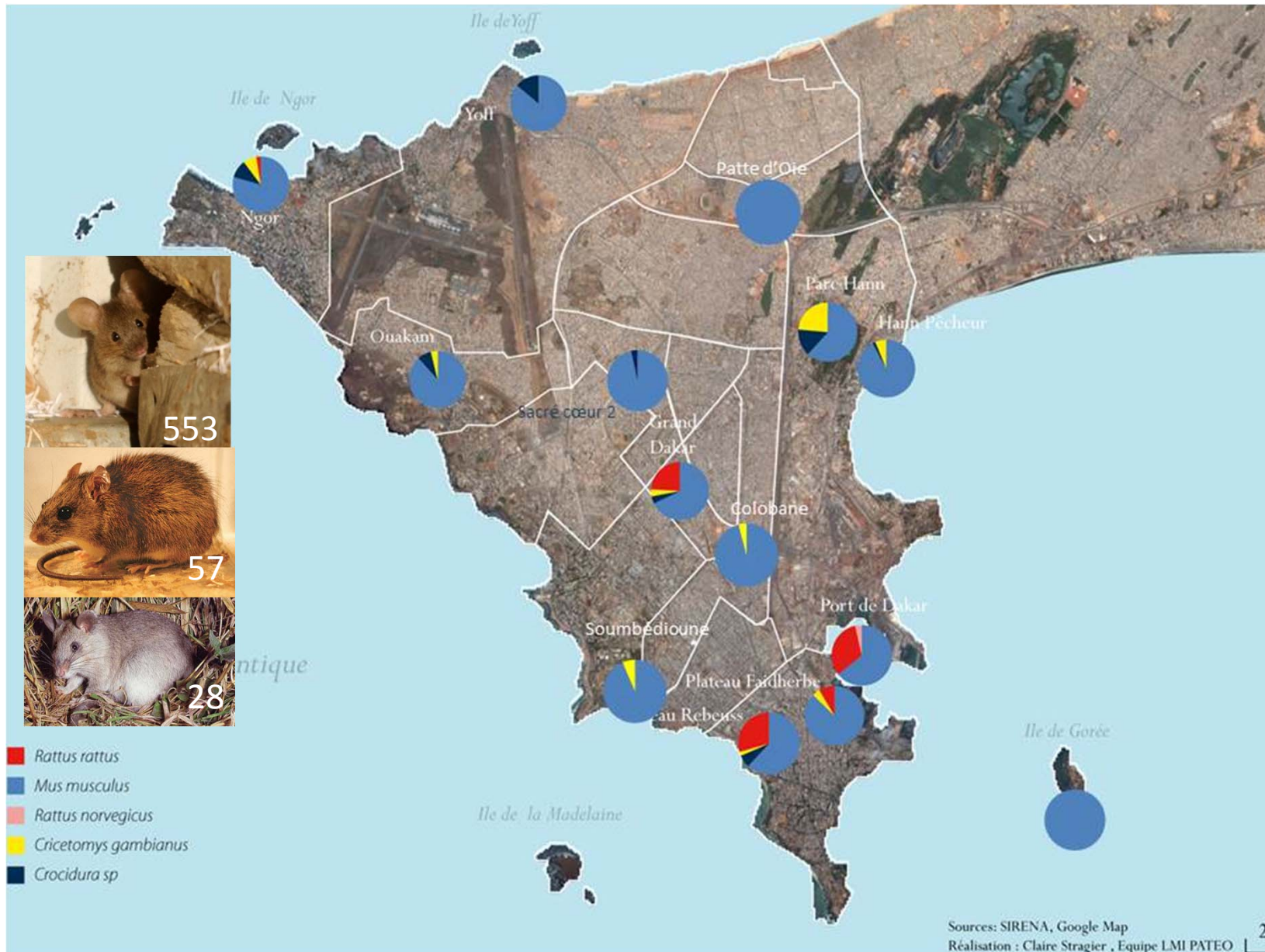
- 1 millions d'habitants
- 83 km<sup>2</sup>
- Un port commercial qui approvisionne l'Afrique de l'Ouest

## Objectifs du projet de VIA (2015-2017)



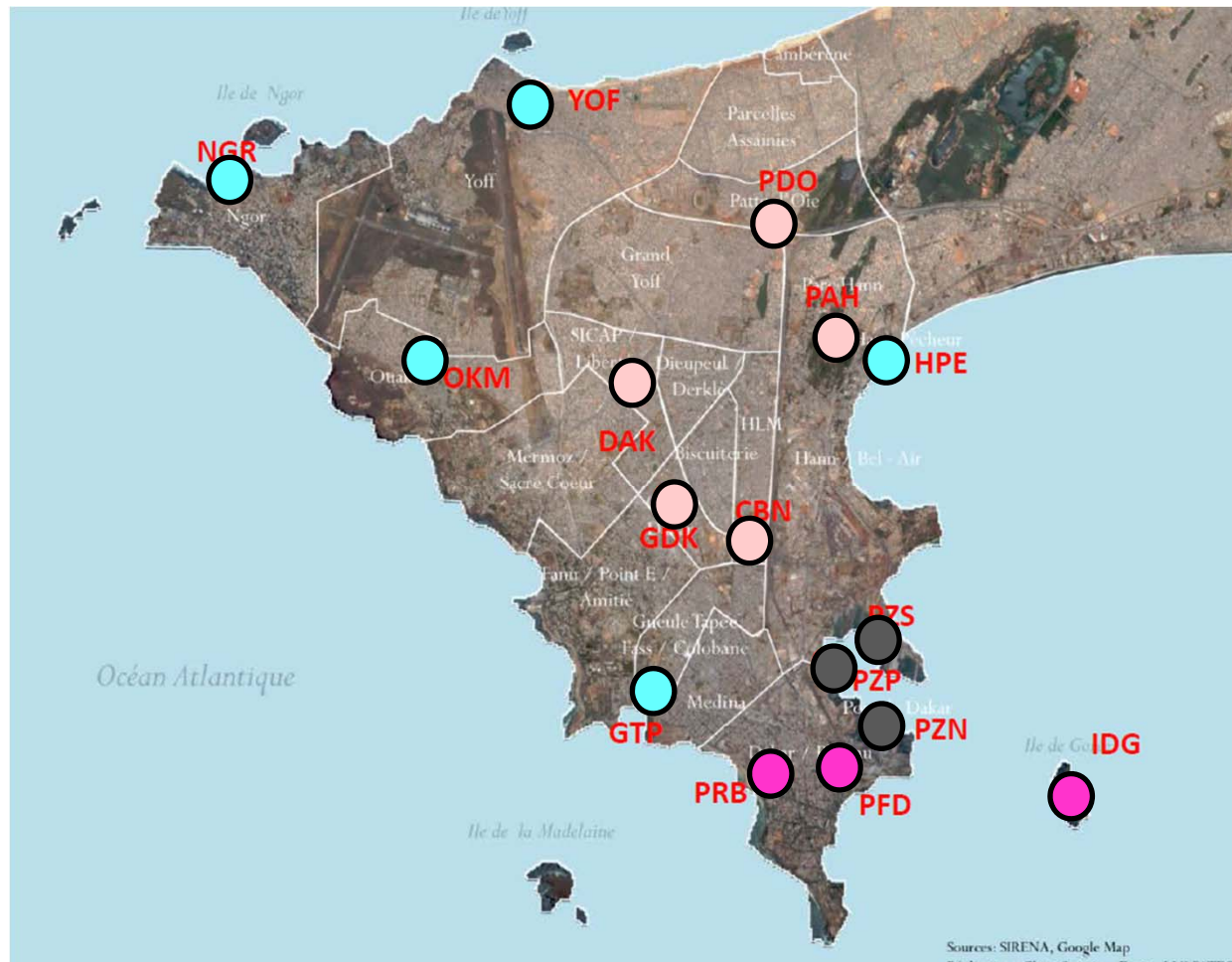
- Décrire les communautés de rongeurs à l'échelle de la ville
- **Décrire la structuration des populations des espèces principales**
- **Evaluer les risques zoonotiques liés aux rongeurs: screening bactéries**

# Des communautés de rongeurs à Dakar largement dominées par la souris domestique





# Génétique des populations de la souris domestique



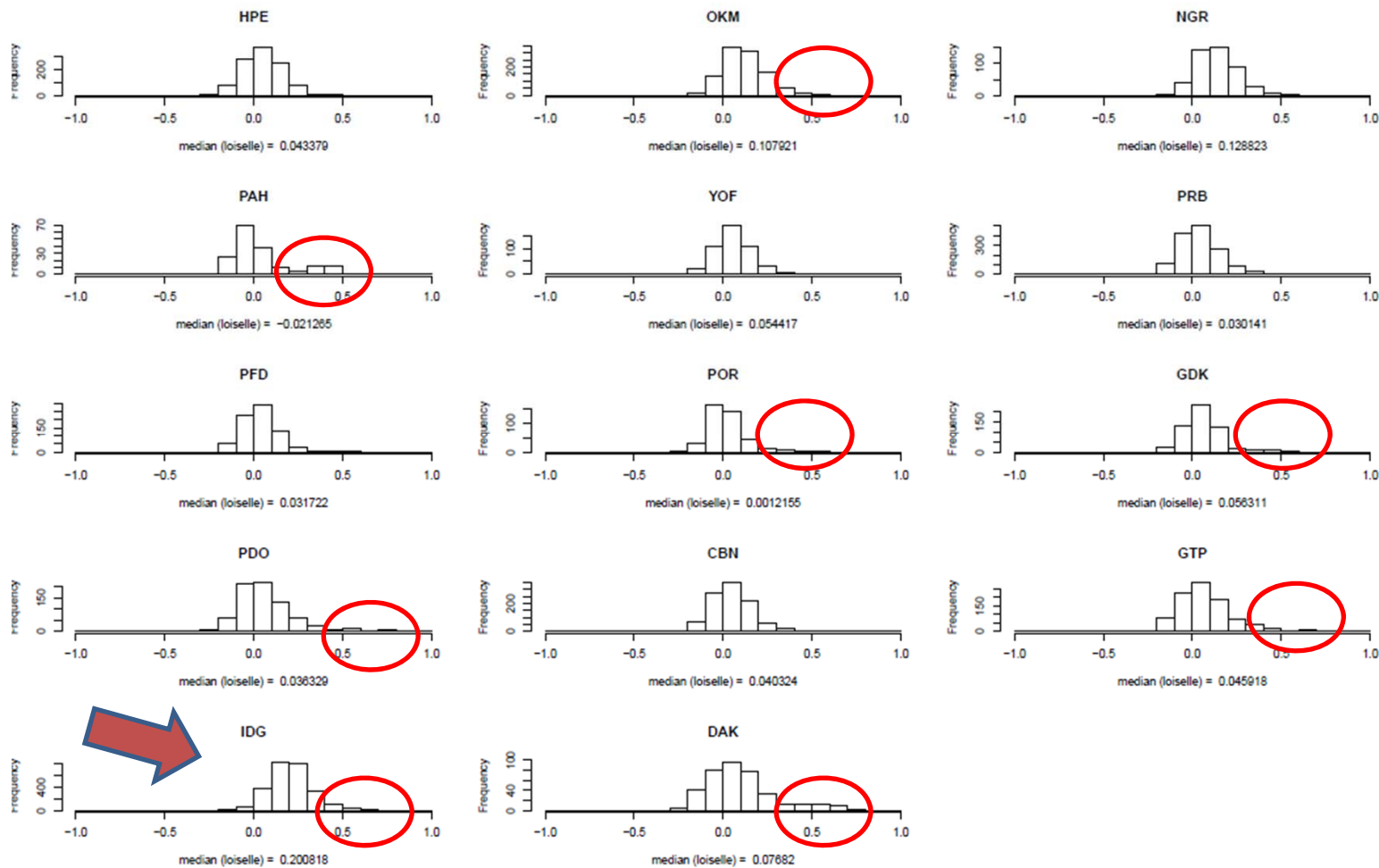
- Est-ce que la structure génétique des populations reflète l'histoire de la ville?
- Est-ce qu'il y a des échanges entre le port et le reste de la ville?

# Génétique des populations de la souris domestique



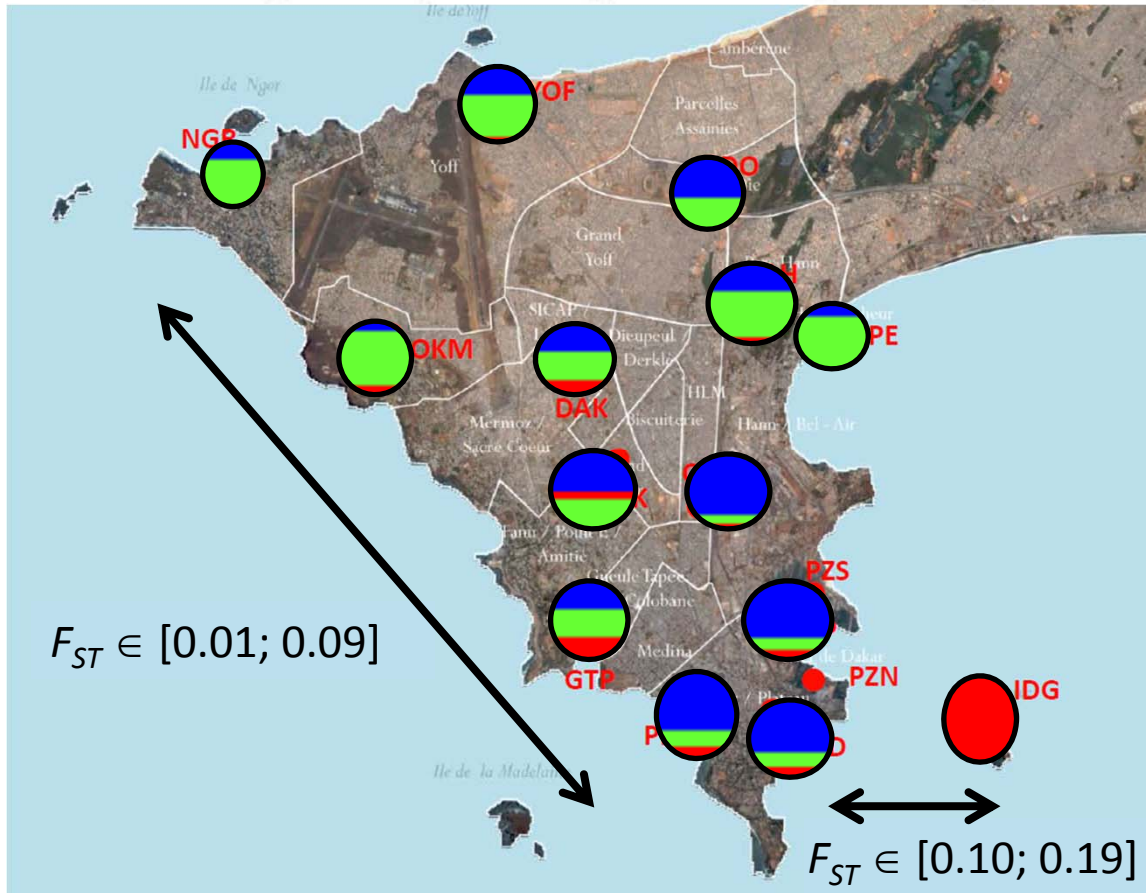
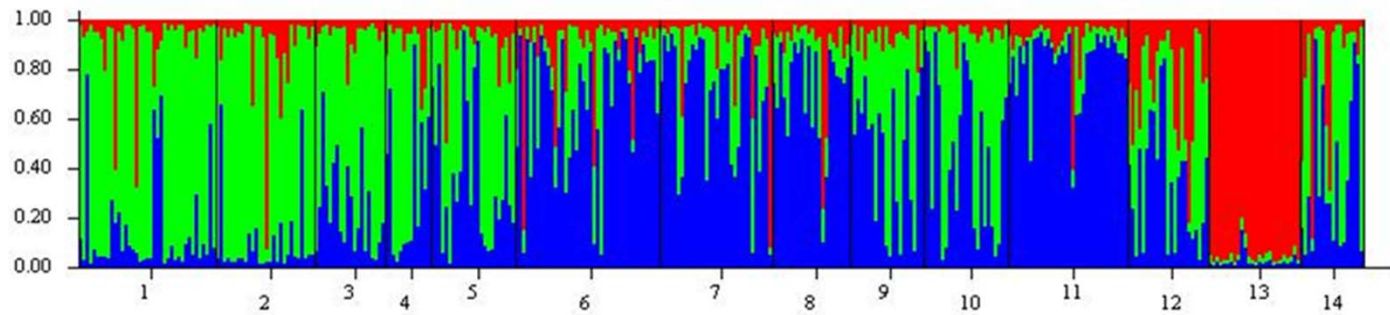
➔ Une structure caractéristique en dèmes

$$F_{IS} \text{ moy} = 0.23 \text{ (} 0.10 \rightarrow 0.31 \text{)}$$



627 individus génotypés → 435 analysés

# Génétique des populations de la souris domestique



$F_{ST} \text{ (Dakar-St Louis)} \in [0.12; 0.21]$

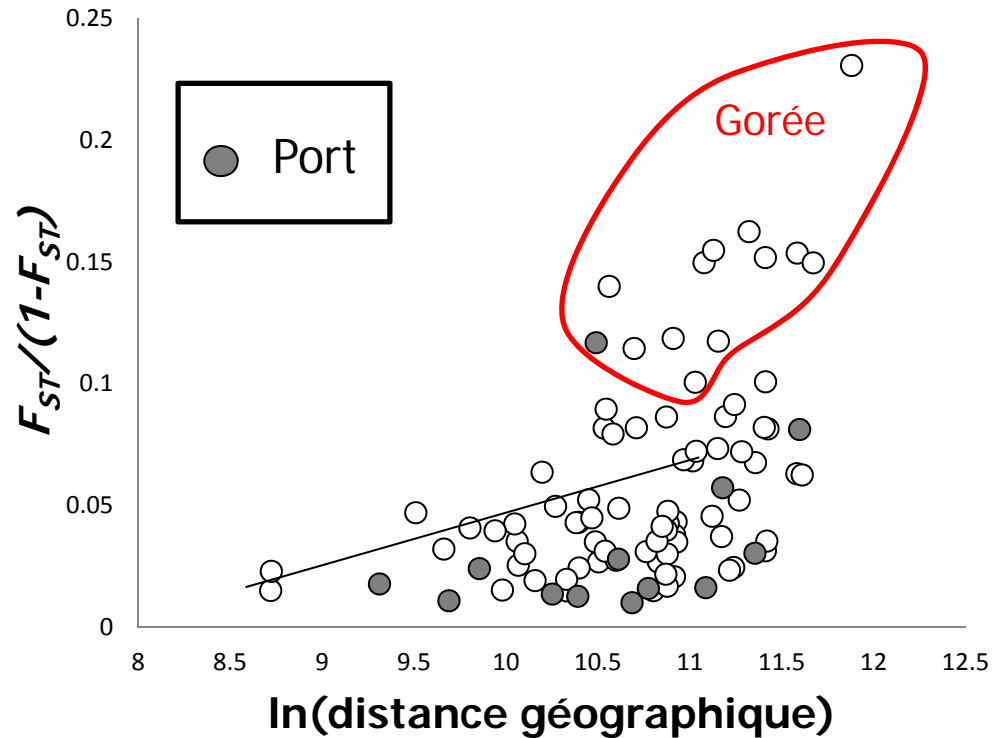




# Génétique des populations de la souris domestique



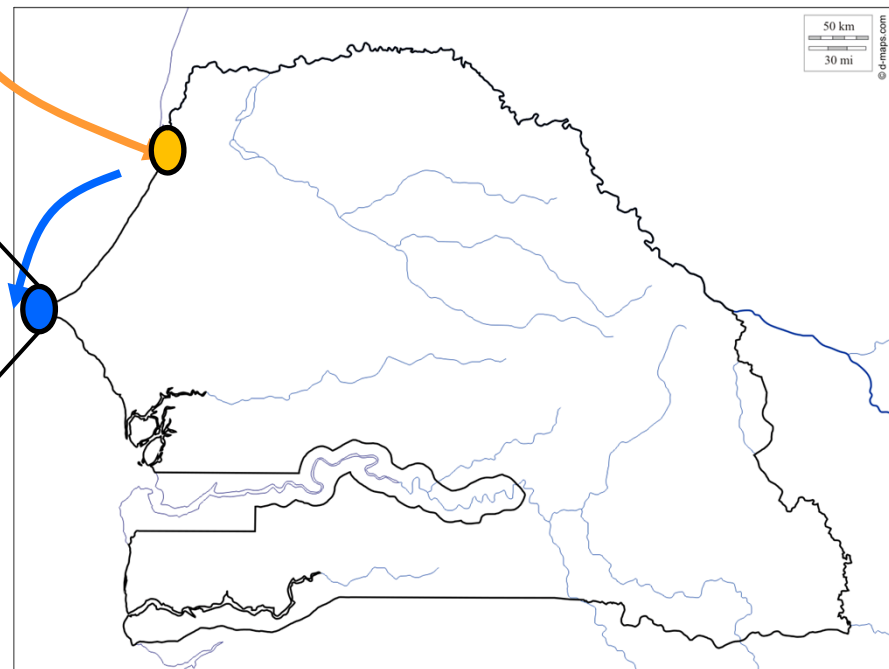
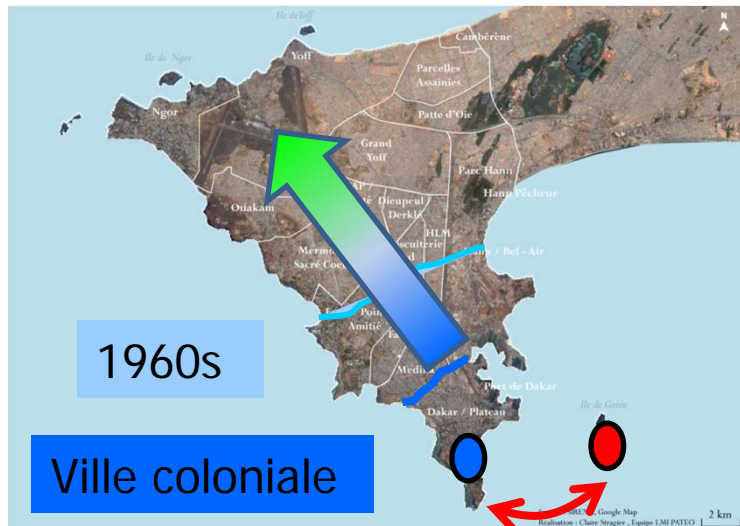
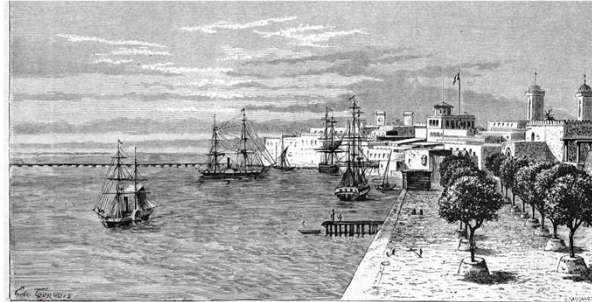
→ une dispersion limitée spatialement



	Origine probable	%résidents
DAK	PRB/PDO	88.9
NGR	PRB/PFD	90.0
GDK	YOF/POR	90.5
POR	PDO/CBN	90.9
CBN	POR/PDO/ni	91.2
GTP	DAK/PRB	91.3
PAH	DAK	92.3
IDG	POR/ni	92.3
PFD	PDO	93.8
PRB	PAH/POR	95.1
YOF	PRB/PDO	95.8
PDO	YOF	95.8
OKM	HPE	96.4
HPE	PRB	97.4

# Génétique des populations de la souris domestique

Une expansion spatiale liée à l'histoire de la dynamique urbaine?




Lippens *et al.* 2017 *Heredity*

**En cours:** analyse de séquences D-loop


**En perspective:** test de scénarios d'introduction indépendante Gorée / Dakar?

# Screening bactérien souris + rat par métagénomique 16S

Approche ENEMI (Galan *et al.* 2016 *Msystems*): identification de taxons zoonotiques



	<i>Bartonella</i>	<i>Borrelia</i>	<i>Coxiella</i>	<i>Ehrlichia</i>	<i>Mycro_1</i>	<i>Mycro_4</i>	<i>Mycro_2</i>	<i>Mycro_153</i>	<i>Mycro_226</i>	<i>Mycro_2066</i>	<i>Orientia</i>	<i>Rickettsia</i>	<i>Streptobac</i>	Moy
GDK		0.21		0.09	0.35					0.03				0.53
HPE				0.02	0.13									0.13
NGR					0.31									0.31
OKM					0.28									0.28
PAH					0.37									0.37
PFD		0.03		0.21	0.55									0.66
PRB		0.04		0.09	0.25						0.04			0.34
PZN	0.10	0.10		0.10	0.10	0.10	0.10							0.30
PZP					0.25									0.25
PZS		0.08			0.54									0.62
YOF				0.07	0.37					0.03				0.43
<b>Moy</b>	<b>0.003</b>	<b>0.04</b>		<b>0.06</b>	<b>0.31</b>	<b>0.003</b>	<b>0.003</b>			<b>0.01</b>	<b>0.01</b>			<b>0.38</b>



GDK	0.09	0.09		0.09			0.18						0.09	0.36
NGR														0.00
PFD	0.50	0.25		0.75			0.25	0.25						1.00
PRB	0.44	0.16	0.04	0.12		0.08	0.24					0.08	0.08	0.68
PZN	0.75				0.25		0.50		0.25					0.75
PZP	0.50						0.17							0.50
PZS	0.25					0.25	0.00		0.25					0.50
<b>Moy</b>	<b>0.38</b>	<b>0.11</b>	<b>0.02</b>	<b>0.13</b>	<b>0.02</b>	<b>0.05</b>	<b>0.22</b>	<b>0.02</b>	<b>0.04</b>			<b>0.04</b>	<b>0.05</b>	<b>0.60</b>



# Screening bactérien souris + rat par métagénomique 16S

➡ Des quartiers plus à risque que d'autres ?



	<i>Bartonella</i>	<i>Borrelia</i>	<i>Coxiella</i>	<i>Ehrlichia</i>	<i>Myc_1</i>	<i>Myc_4</i>	<i>Myc_2</i>	<i>Myc_ OTU153</i>	<i>Myc_ OTU226</i>	<i>Myc_ OTU2066</i>	<i>Orientia</i>	<i>Rickettsia</i>	<i>Streptobacillus</i>	Moy
GDK	0.02	0.18		0.09	0.27		0.04			0.02			0.02	0.49
HPE				0.02	0.13									0.13
NGR					0.30									0.30
OKM					0.28									0.28
PAH					0.37									0.37
PFB	0.05	0.05		0.26	0.50		0.02	0.02						0.69
PRB	0.14	0.08	0.01	0.10	0.17	0.03	0.08				0.03	0.03	0.03	0.45
PZN	0.29	0.07		0.07	0.14	0.07	0.21		0.07					0.43
PZP	0.30				0.10		0.10							0.40
PZS	0.06	0.06			0.41	0.06			0.06					0.59
YOF				0.07	0.37					0.03				0.43

... Analyses statistiques en cours