

Quelques exemples d'utilisation de la Génétique des populations sur des populations de rongeurs en Afrique...

Génétique des populations de ravageurs:

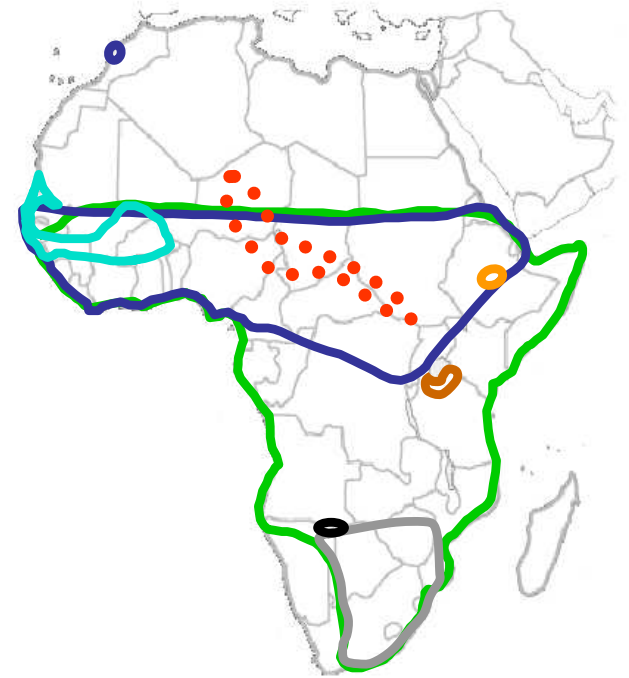
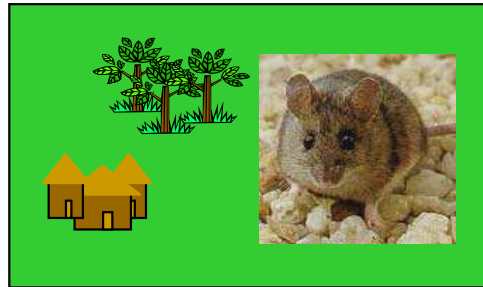
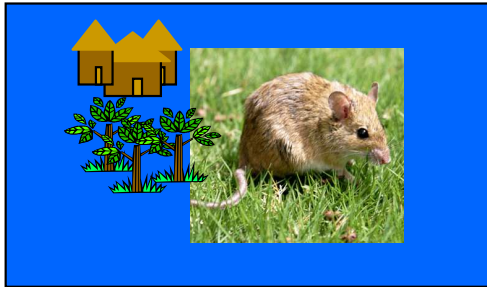
le cas des rongeurs sahéliens du genre *Mastomys*



Génétique des populations des *Mastomys*

Le genre *Mastomys*

- ≈ 7 espèces, parfois sympatriques, très prolifiques
- ravageurs + réservoirs
- des populations sauvages et commensales



... comme beaucoup d'autres espèces de rongeurs cosmopolites



Question: est-ce que la différence en terme d'habitat reflète une différence en terme de fonctionnement des populations?

Génétique des populations de *Mastomys*

Différences environnementales et fonctionnement des populations

« Climat » stable,
ressources
abondante



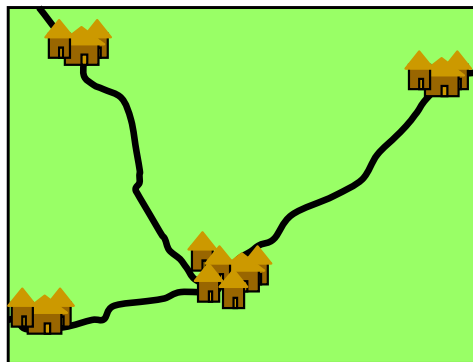
Variations
saisonnnières,
compétition intrasp.
locale forte



Habitat de « bonne qualité »



Populations de grande taille, dispersion faible (phylopatrie)



Habitat
fragmenté
ou
connecté?



Pocock et al. 2005; Lin et al. 2006

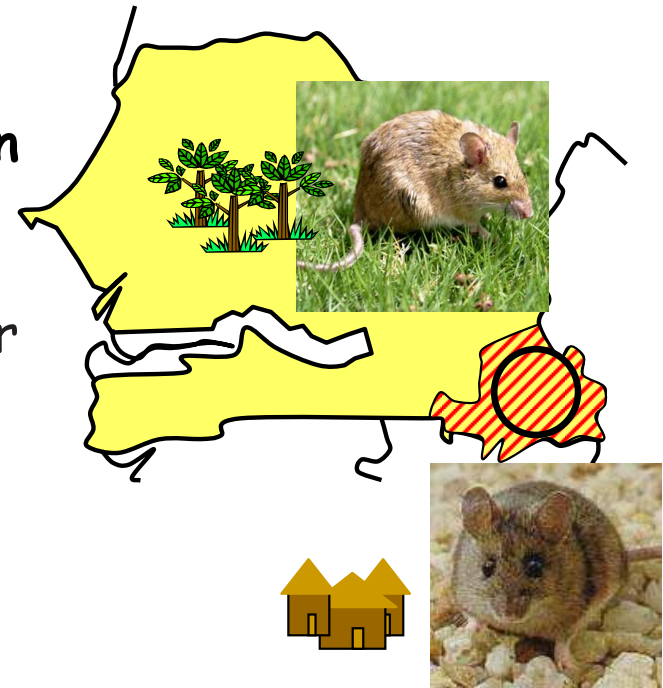
Génétique des populations des *Mastomys*

Question: est-ce que la différence en terme d'habitat reflète une différence en terme de fonctionnement des populations?

2 types d'approches possibles

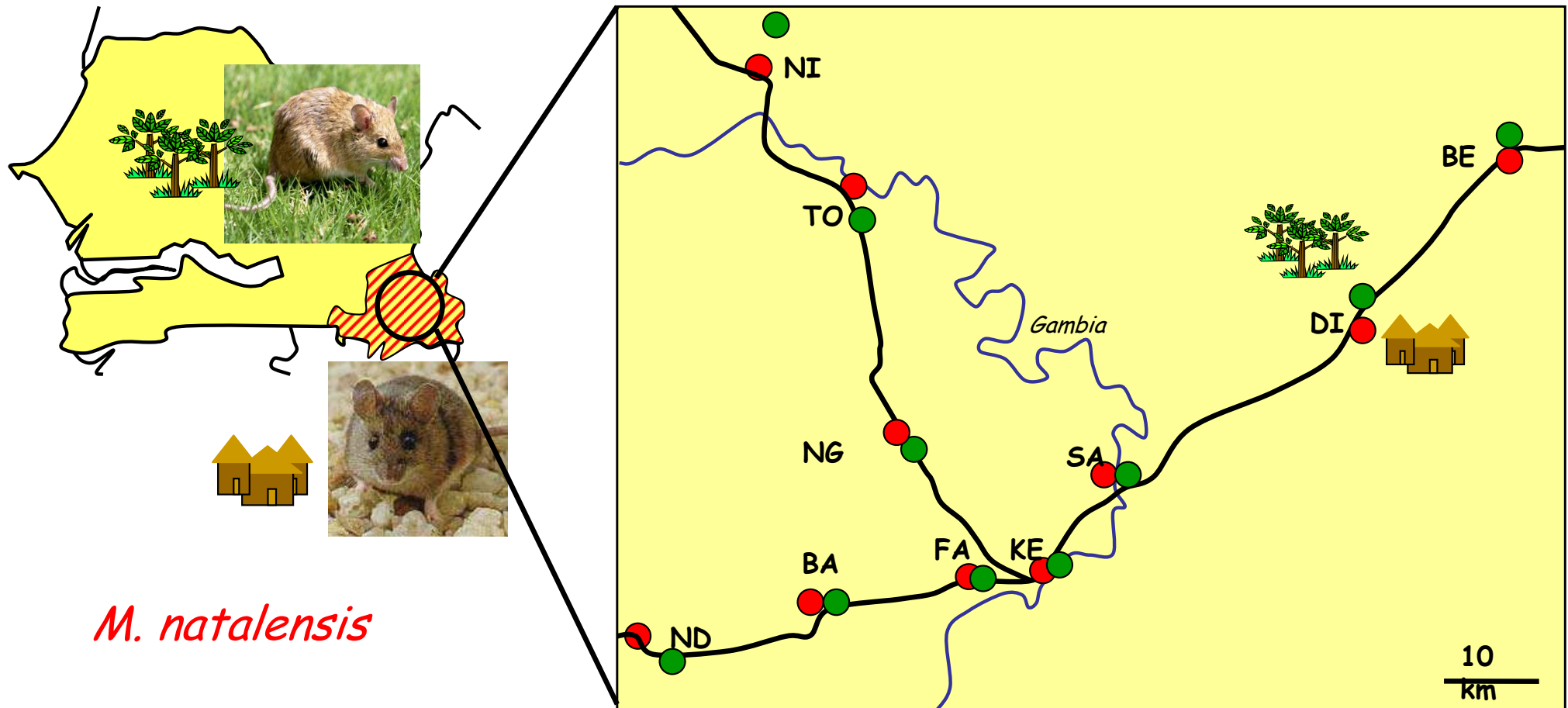
→ Comparaison populations commensales / sauvages d'une même espèce dans différents contextes paysagers: pb de connections entre populations sauvages et commensales via les flux de gènes

→ Dans le même contexte paysager, comparaison d'espèces proches, sauvage/ commensale: effets «espèce» / «habitat» confondus, mais premier pas pour identifier des hyp écologiques et démo à tester (Matocq *et al.* 2000)



Génétique des populations des *Mastomys*

La zone d'étude: le Sénégal oriental



M. natalensis

10 « pops » (> 20 individus) / espèce



225 *M. natalensis*

310 *M. erythroleucus*

Les marqueurs et les analyses...

- ❖ Cross-priming: 15 microsatellites communs aux 2 espèces
- ❖ Estimation des flux de gènes à long terme (F_{ST}) / actuels (tests d'assignation des migrants de 1ère génération)

Diversité génétique

	<i>M. natalensis</i> 	<i>M. erythroleucus</i> 
<i>Nombre d'allèles</i>	5.69 ± 0.68	12.38 ± 2.34
<i>Richesse allélique</i>	5.38 ± 0.54	11.5 ± 1.22
H_0	0.62 ± 0.06	0.79 ± 0.02
H_E	0.68 ± 0.04	0.84 ± 0.02
<i>Apparentement (ML-R)</i>	0.066 ± 0.017	0.037 ± 0.012

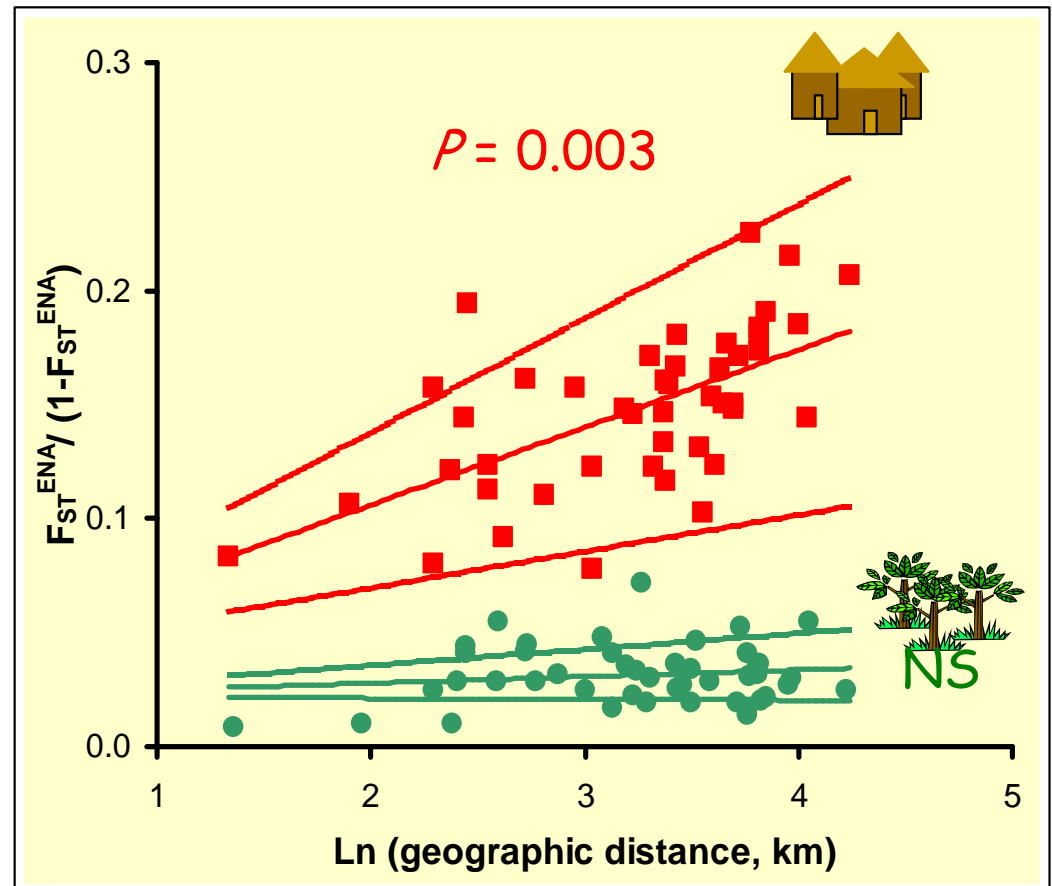


Diversité génétique ($P < 0.01$)
Apparentement ($P = 0.0007$)

Génétique des populations des *Mastomys*

Flux de gènes

- Isolement par la distance (IBD)




IBD pour *M. natalensis* seulement: les flux de gènes à longue distance seraient plus faibles chez *M. natalensis* que chez *M. erythroleucus*

→ différences en terme de taux de migration ou de tailles de population?

Génétique des populations des *Mastomys*

Flux de gènes

- Assignations

	<i>M. natalensis</i>	<i>M. erythroleucus</i>	
			
Total	225	310	
Nombre de migrants de 1 ^{ère} génération	7	13	
Taux de migration (m)	0.02	0.032	NS

$m = (\text{nombre de migrants} - \text{nombre d'erreurs attendues}) / \text{total des individus}$: cf. Paetkau et al. 2004)



Les taux de migrations seraient similaires pour les 2 espèces

Génétique des populations des *Mastomys*

Conclusions



n, H_E, H_0	+	-
apparemment	-	+
F_{ST}	-	+
IBD	+	-
Nb migrants 1 ^{re} gen.		≈



flux de gènes ↓, N_e ↓,
structure sociale ↑, m
récent ↑(transports)



La structure génétique est reliée avec la fragmentation et la qualité de l'habitat