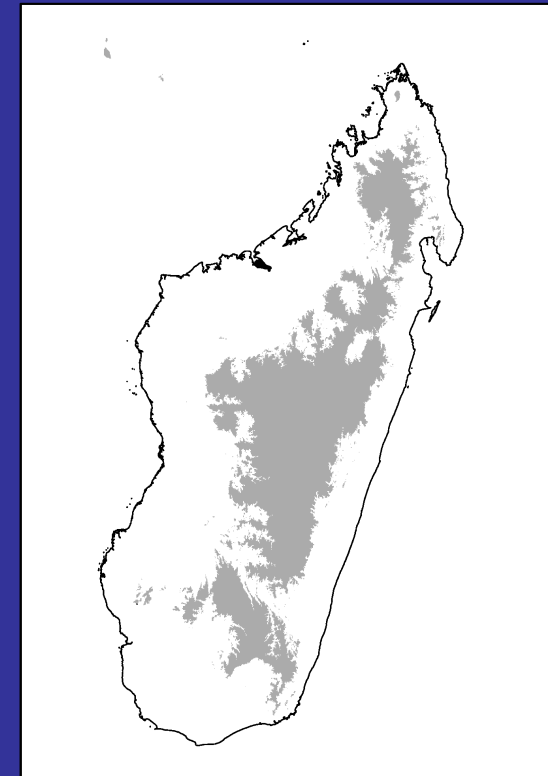
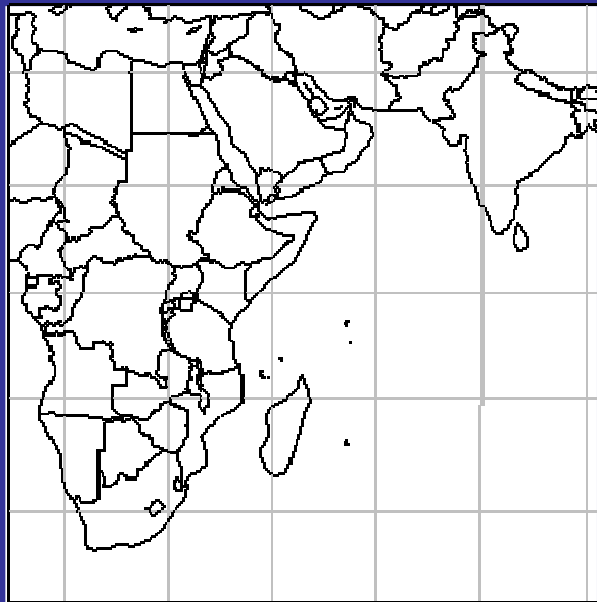


Phylogéographie du rat noir (*Rattus rattus*) dans l'Ouest de l'Océan Indien;
Histoire de la colonisation de Madagascar



Acquis et objectifs

Données de la littérature :

- Histoire humaine:

Arrivée il y a env. 2300 ans.

Expansion vers les hauts plateaux centraux il y a 1000-1500 ans

Importance du commerce Arabe

- Rongeurs commensaux :

- *Suncus murinus*

(Hutterer et al., 1990)

- *Mus musculus*

(Duplantier et al., 2002)

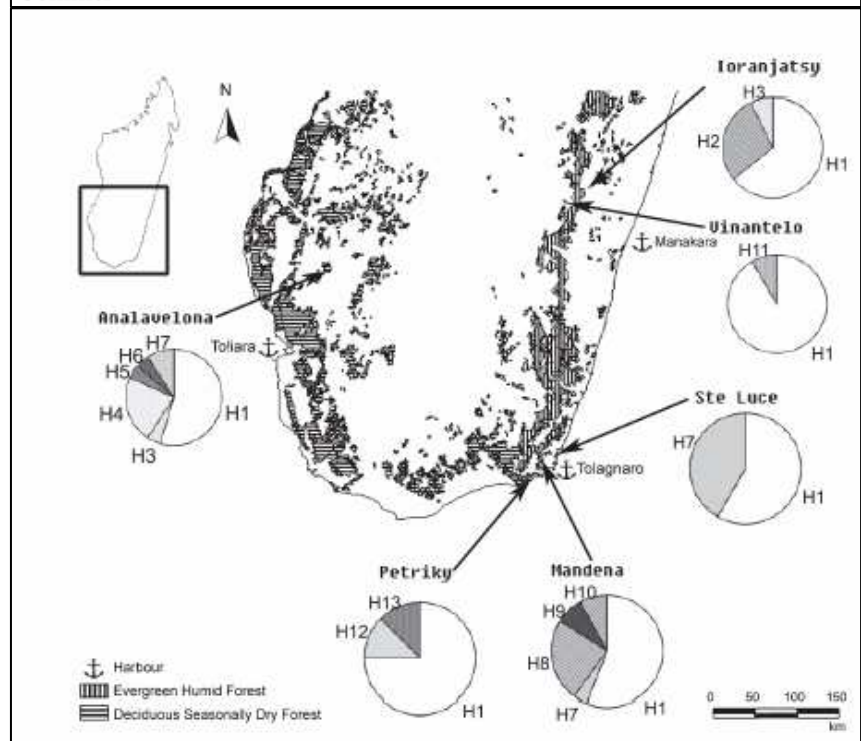
- *Rattus rattus*

(Hingston et al., 2005)

Une étude préalable réalisée sur le Sud de Madagascar, avec peu de données externes à la Grande Ile :

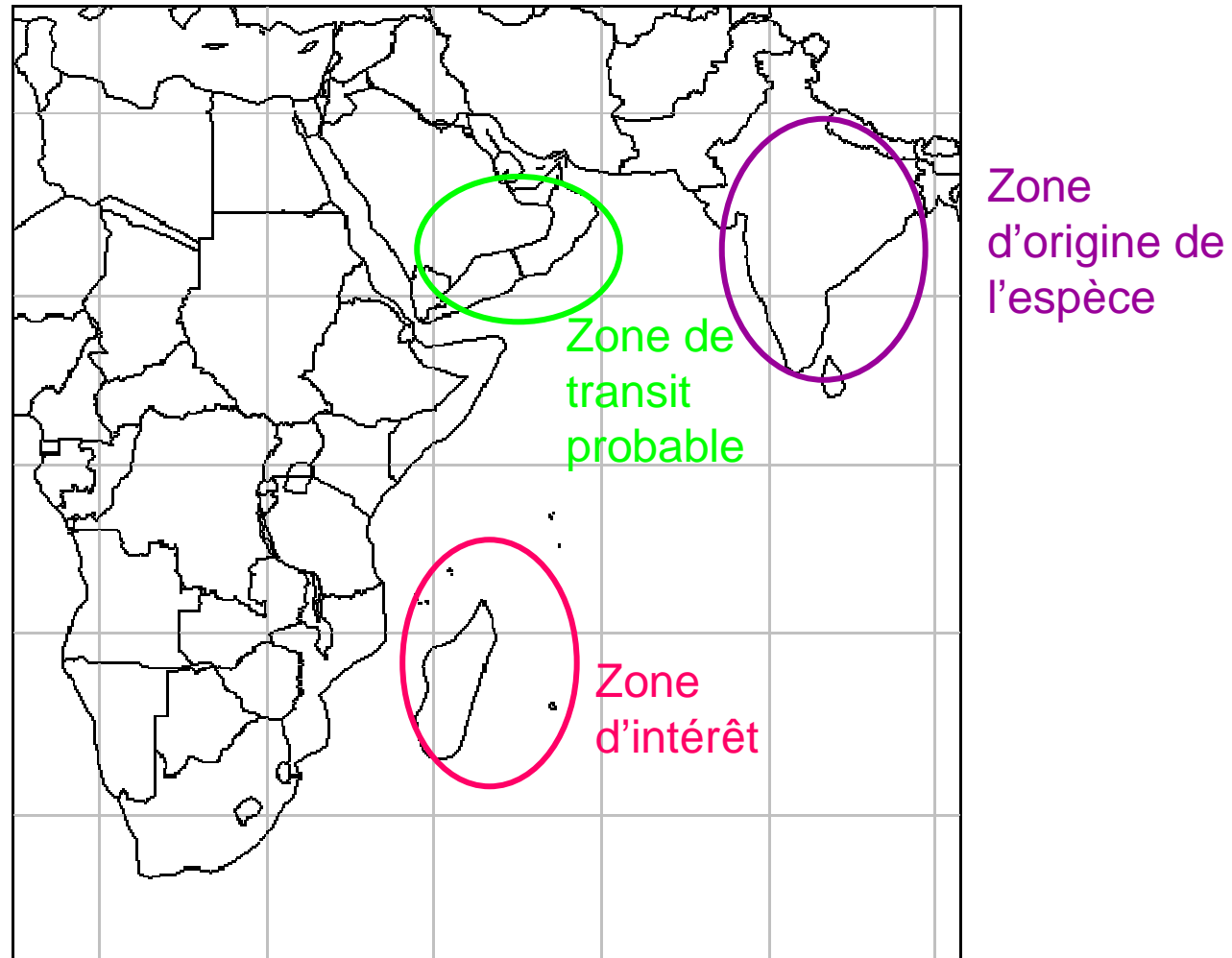
Reconstruction of the colonization of southern Madagascar by introduced *Rattus rattus*

Melanie Hingston¹, Steven M. Goodman^{2,3}, Jörg U. Ganzhorn¹ and Simone Sommer^{1*}

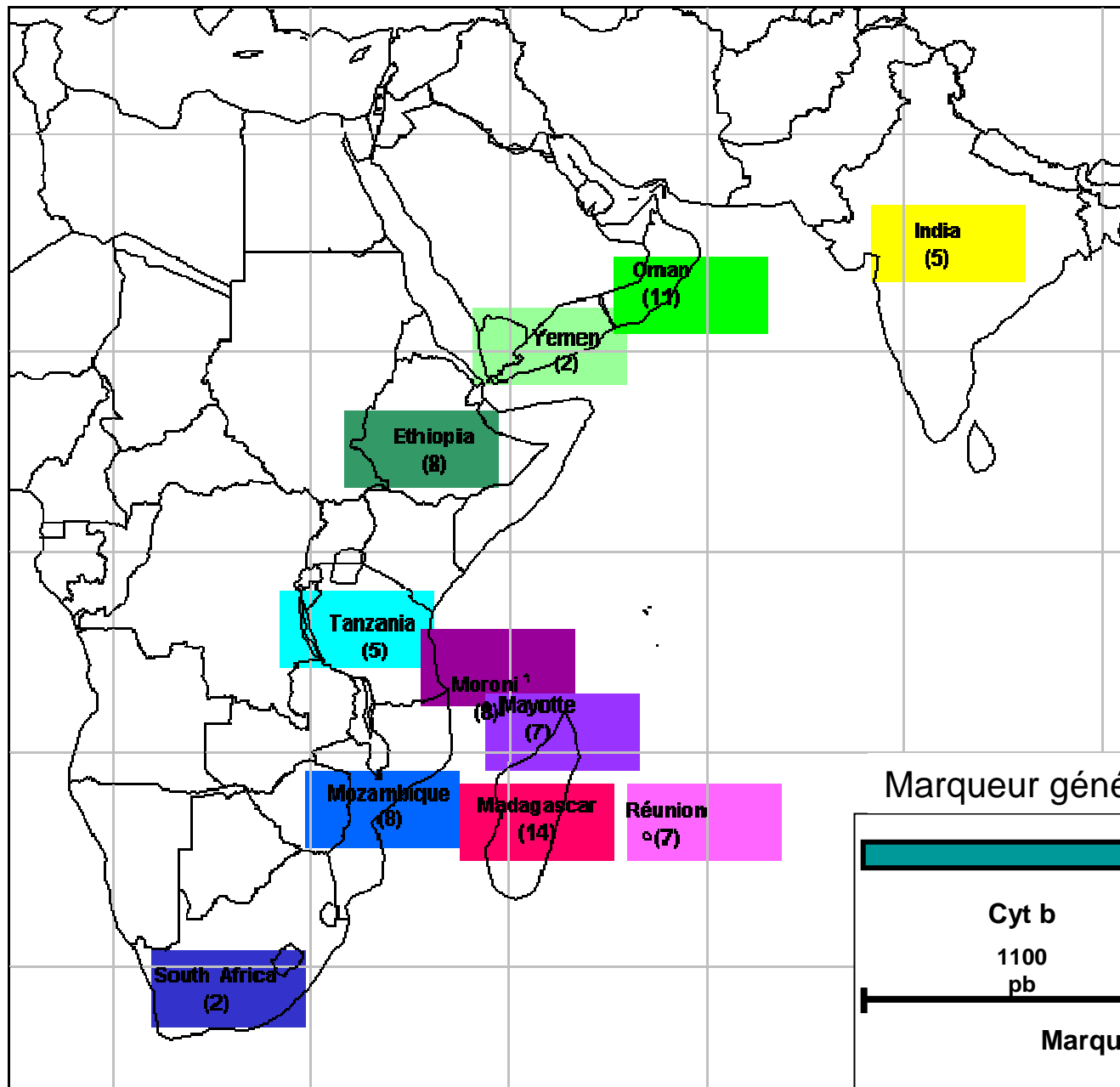


Contexte géographique

A partir des données de la littérature :



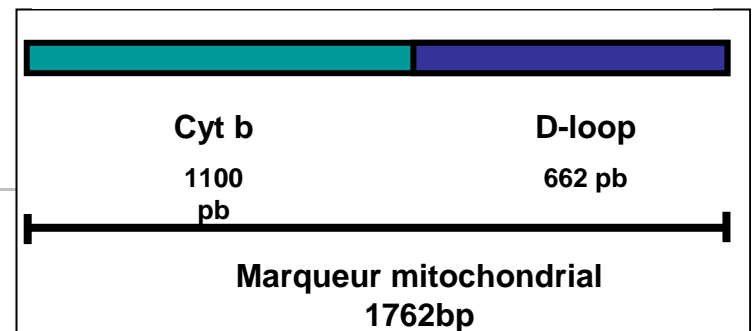
Echantillonnage Océan Indien



2-14 ind. / pays

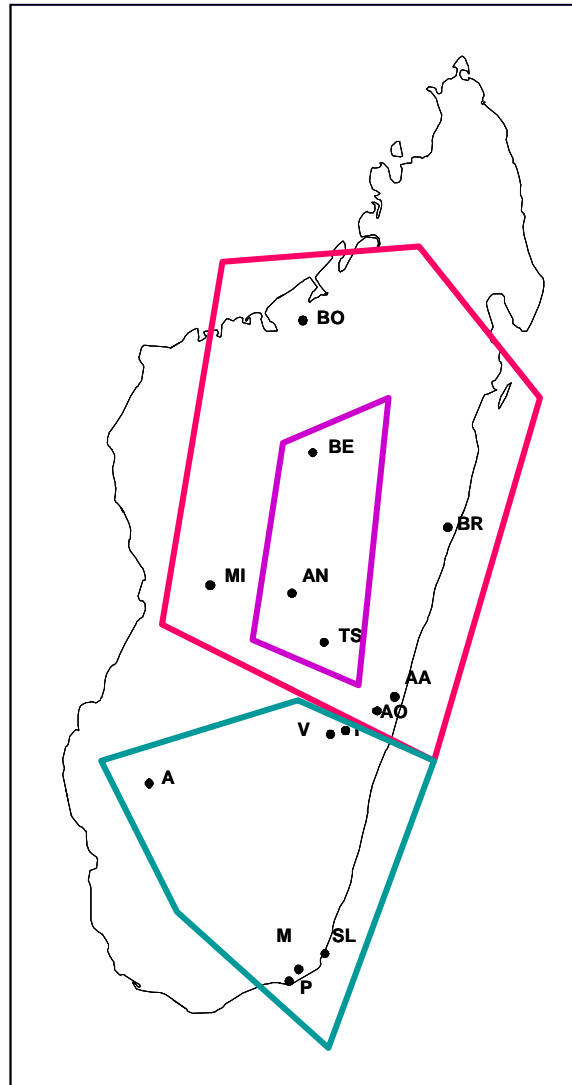
71 ind. au total

Marqueur génétique de 1762pb



Echantillonnage Madagascar

Localisation au sein de Madagascar

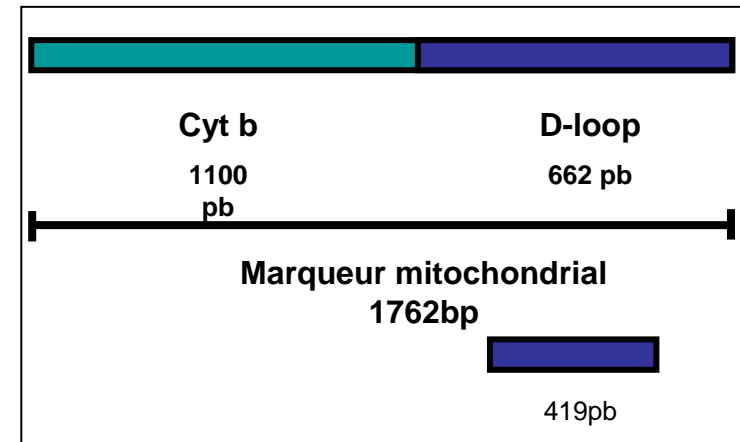


Populations
séquencées lors
de cette étude

Populations sur
hauts plateaux
centraux

Populations
séquencées par
Hingston *et al.*, 2005

Marqueur génétique de 419pb

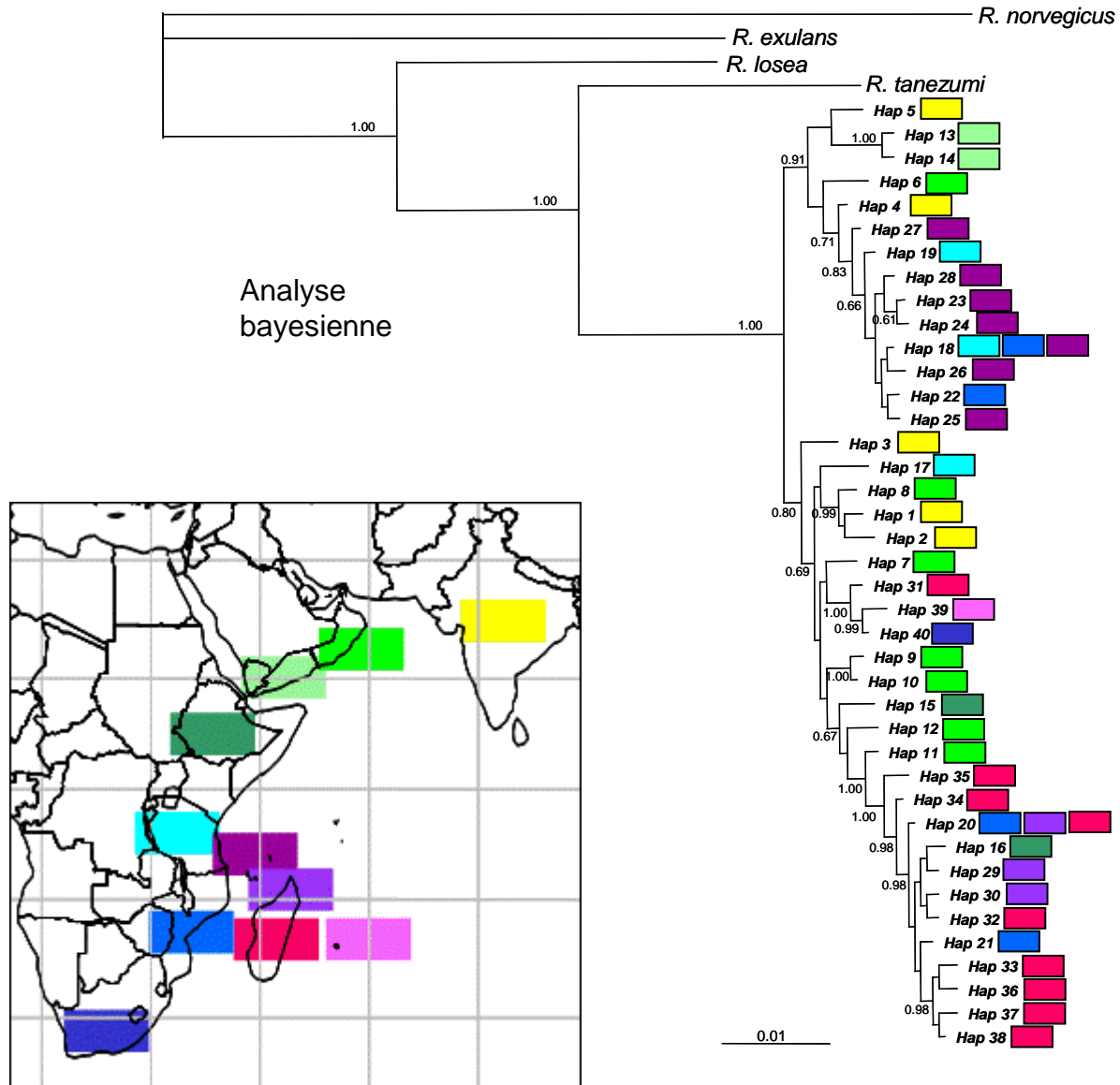


8-25 ind. /pop

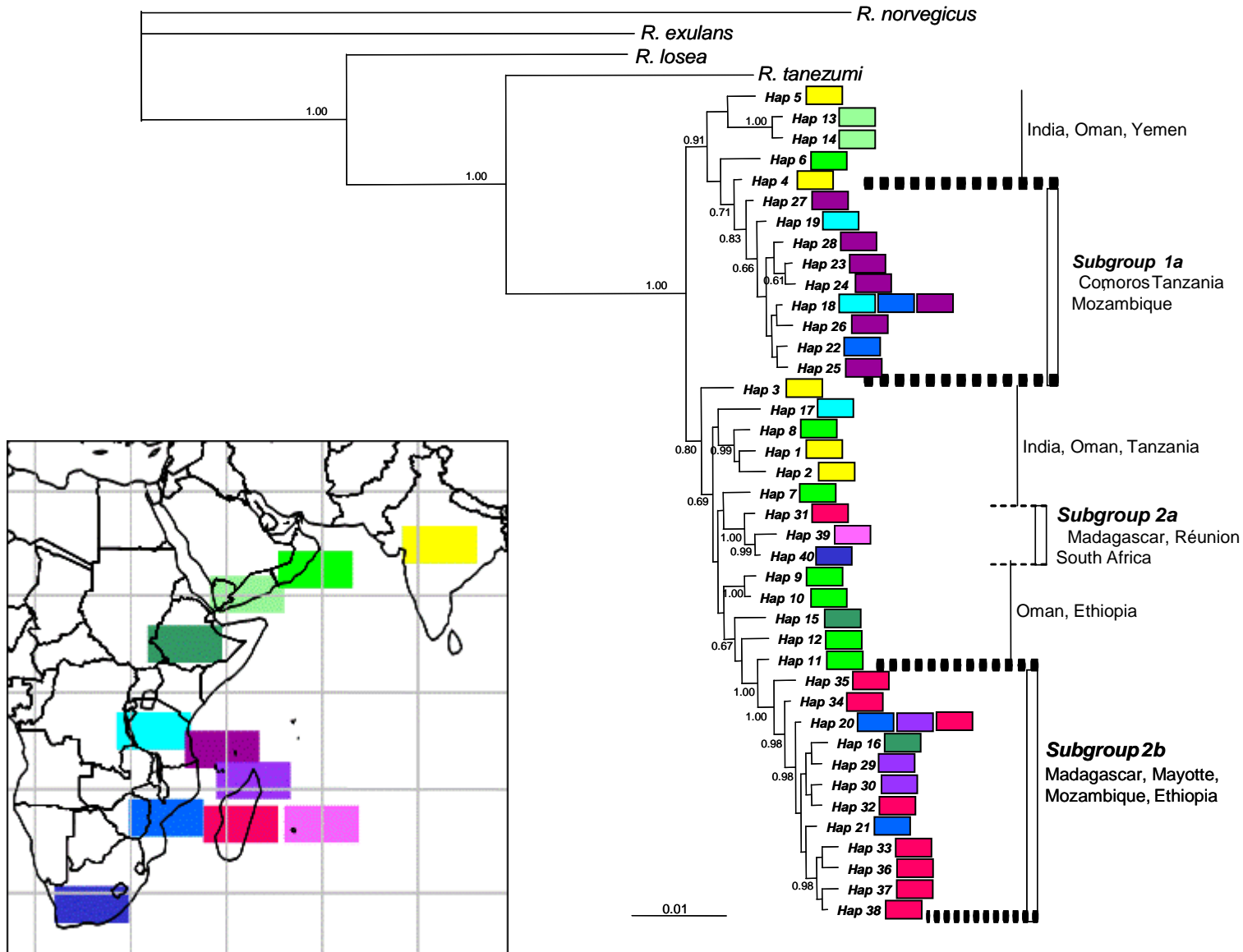
190 ind. analysés au total

Phylogénie des haplotypes

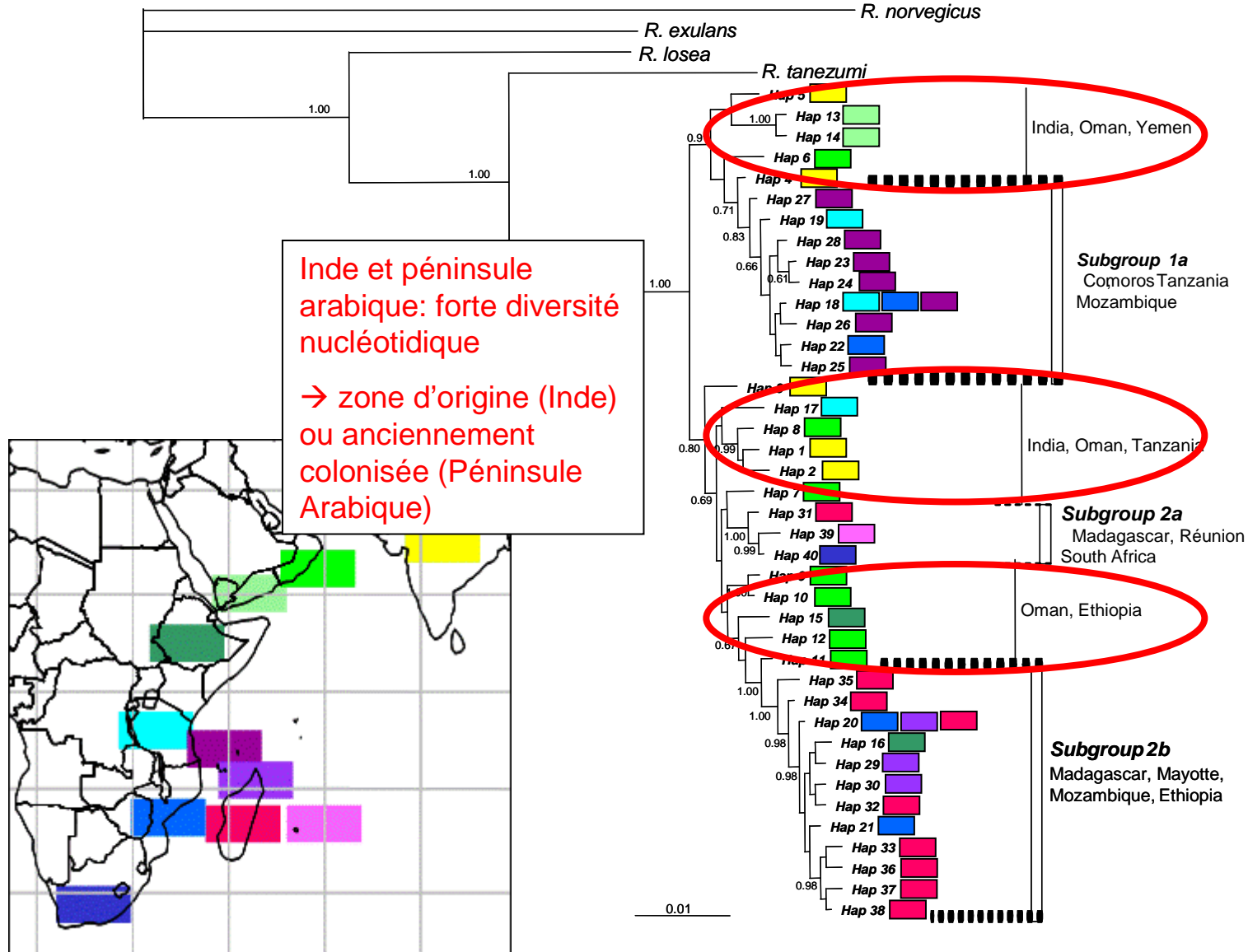
A l'échelle de l'ouest de l'Océan Indien :



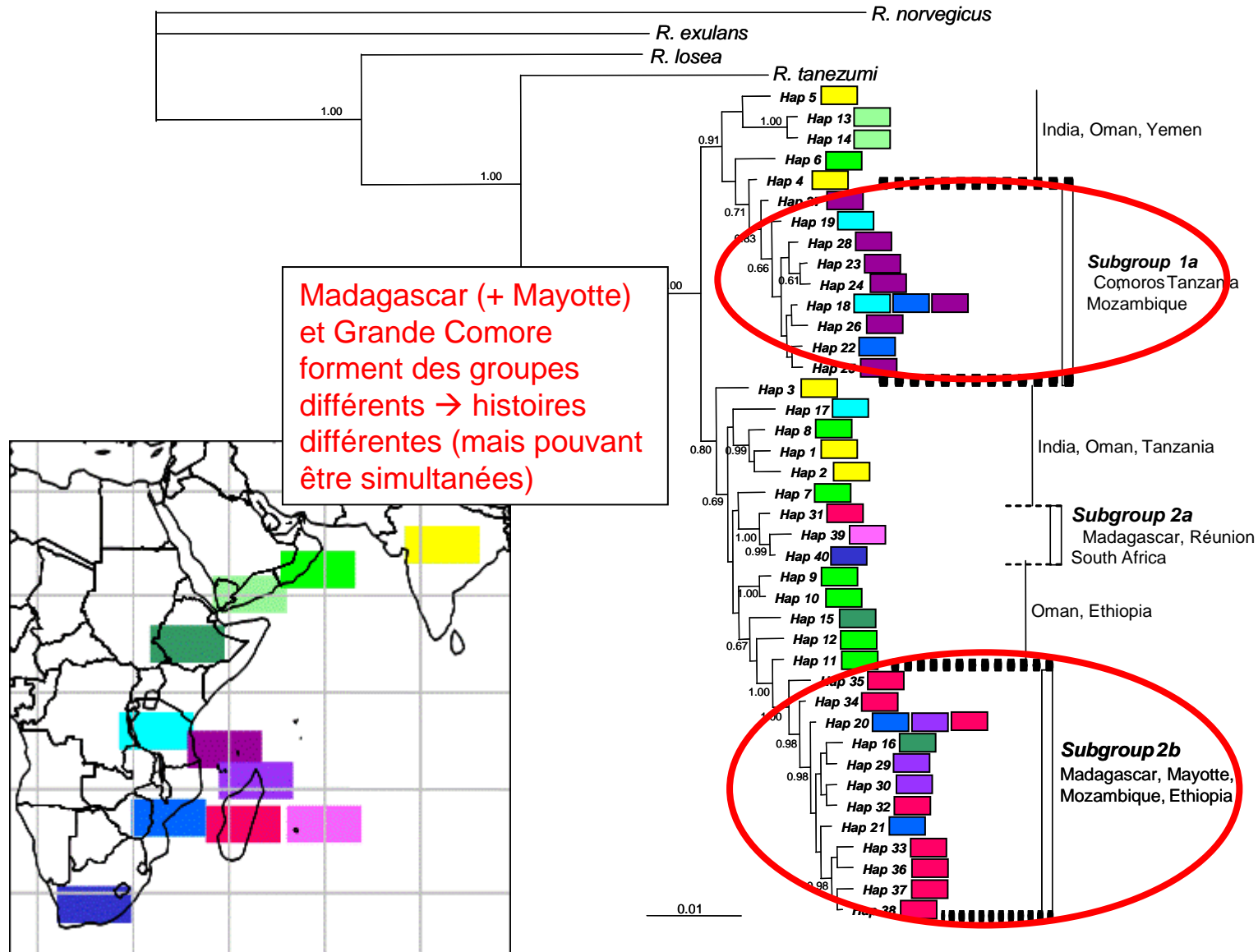
Phylogénie des haplotypes



Phylogénie des haplotypes

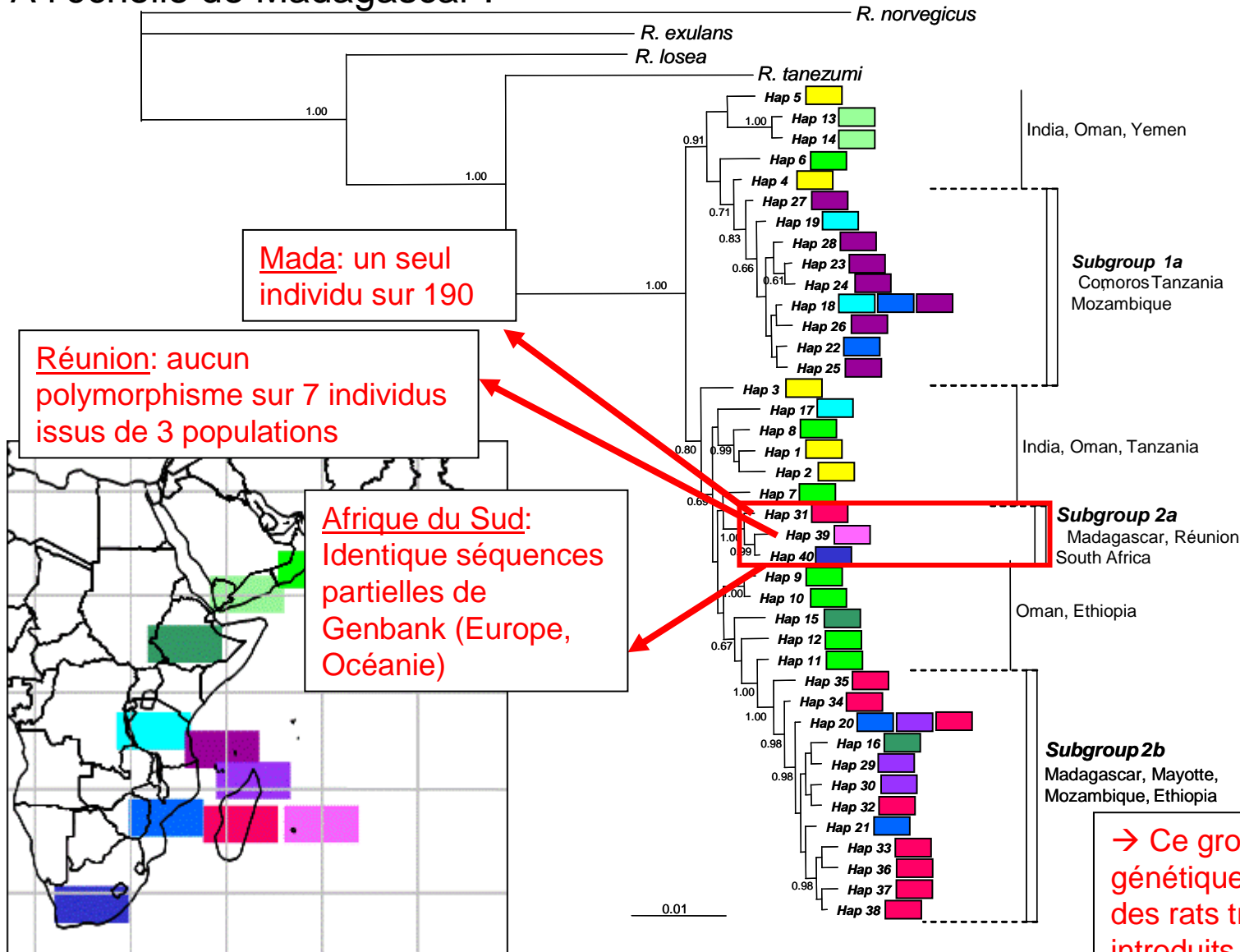


Phylogénie des haplotypes



Phylogénie des haplotypes

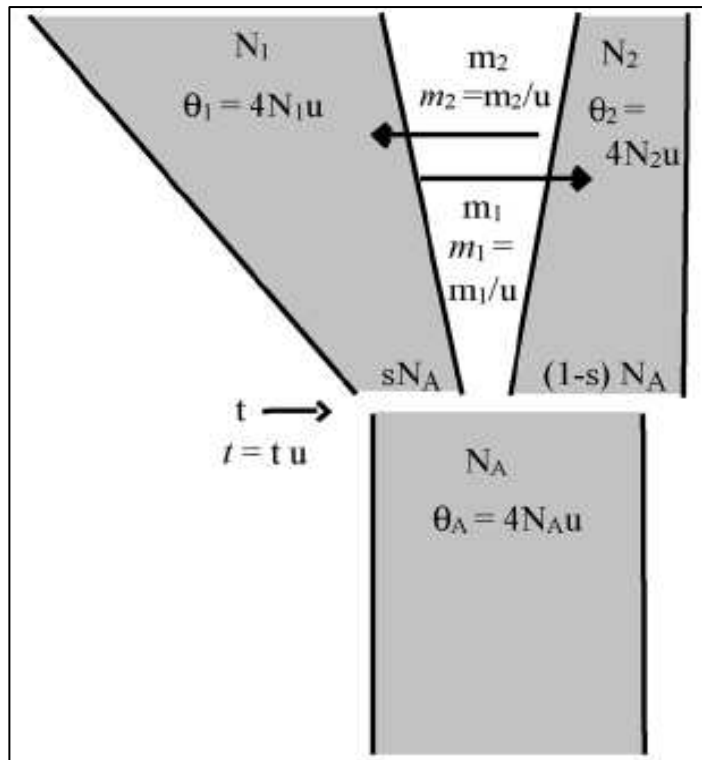
A l'échelle de Madagascar :



Isolation avec migration

Utilisation du logiciel IM pour simuler la divergence entre Oman et Madagascar (en noir) et entre Oman et Grande Comore (en gris)

Modèle utilisé :



Résultats :

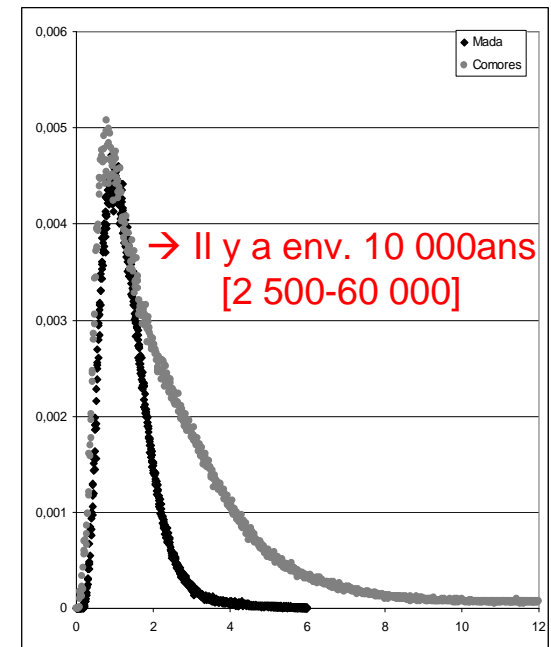
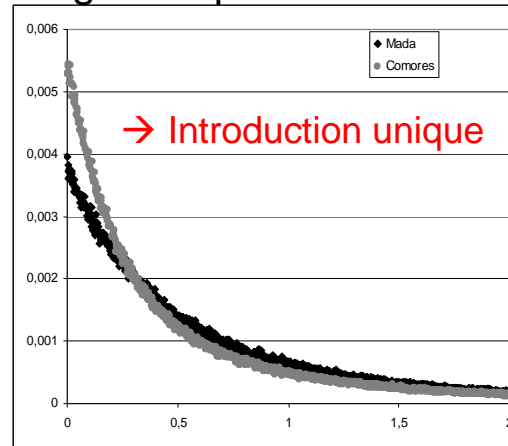
Dans les deux cas:

s très proche de 1

→ Nombre de fondateurs : qqes 10-100 ind.

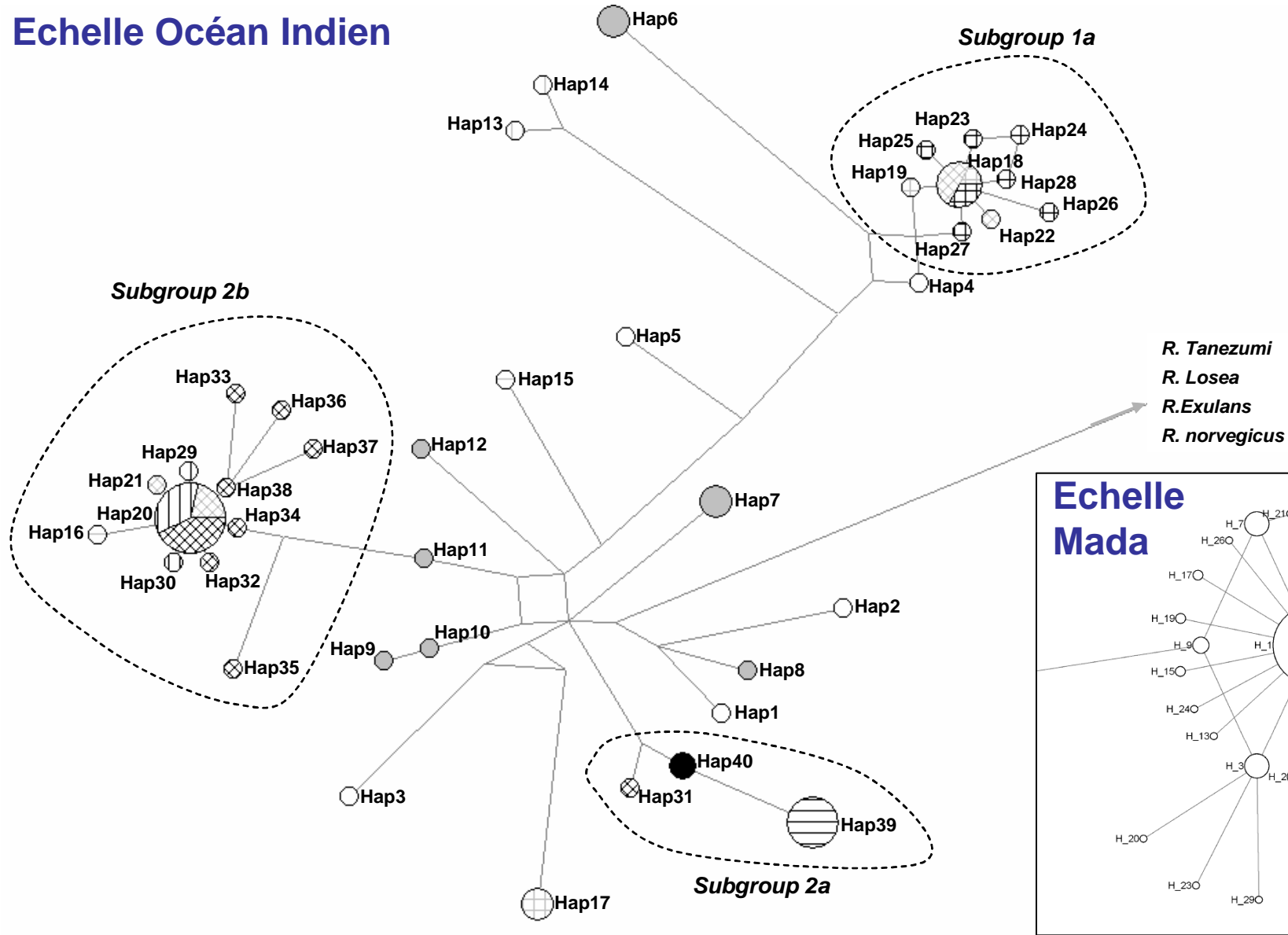
Temps de divergence voisins, récents

Migration proche de zero



Des réseaux en étoile

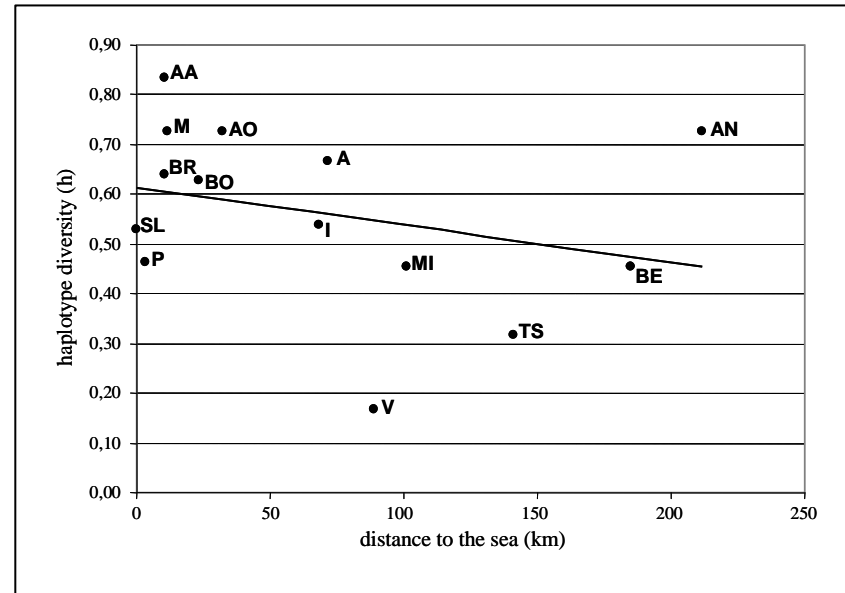
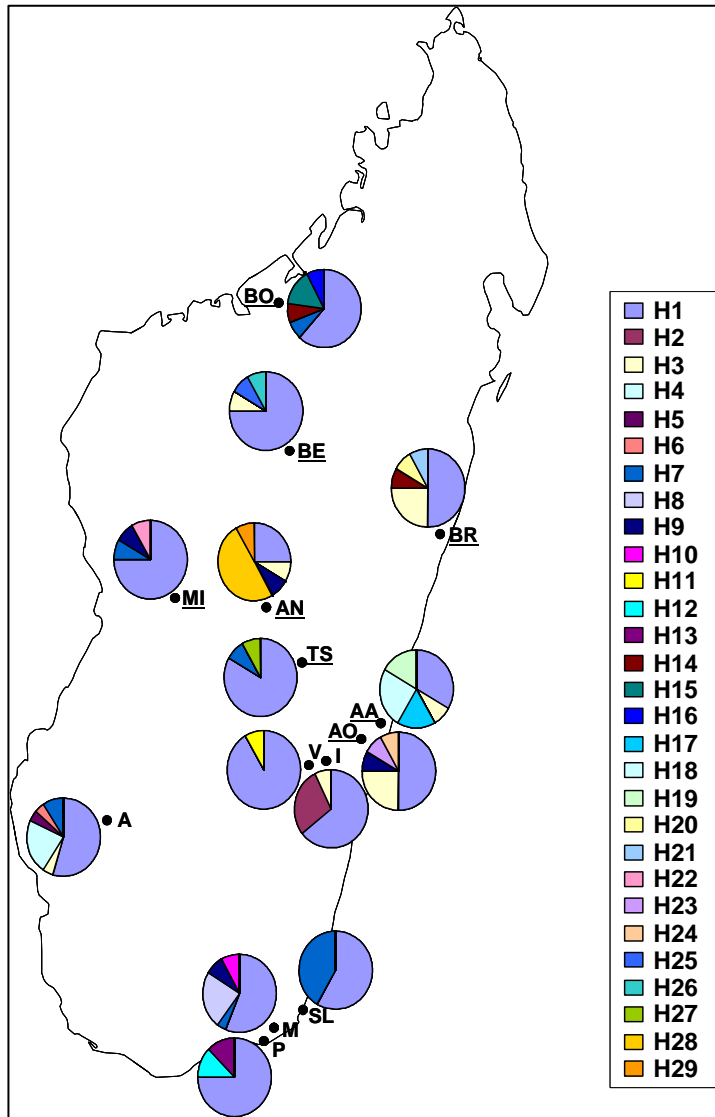
Echelle Océan Indien



→ Signatures d'expansions démographiques récentes à Madagascar et à Grande Comore

Diversité Génétique

A l'échelle de Madagascar :



Diversité génétique diminue quand on s'éloigne de la côte

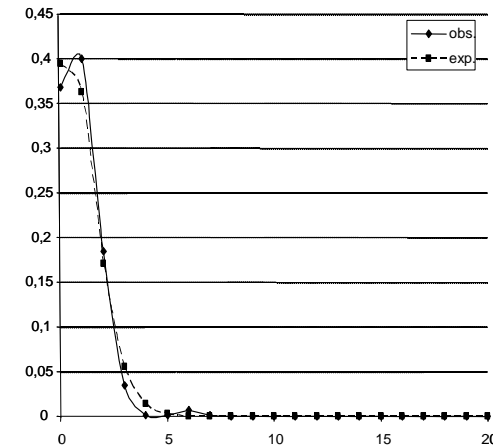
→ Colonisation a commencé par les régions côtières pour s'étendre ensuite aux hauts plateaux centraux

Analyses Démographiques

A l'échelle de Madagascar :

Populati on	N	F _S	R ₂	Tau	Time
A	22	-2,75*	0,087	0.814	-3217
I	14	-1.12	0,169		
V	12	-0,48	0,276		
SL	12	0.72	0,265		
M	25	-0.29	0,146		
P	8	-1	0,216		
<u>BO</u>	13	-0,78	0,171		
<u>AA</u>	12	-1,48	0,144		
<u>BR</u>	12	-1,94*	0,124*	0.985	-3892
<u>MI</u>	12	-1,59*	0,134*	0.636	-2513
<u>AO</u>	12	-1,82*	0,127*	1.030	-4070
<u>BE</u>	12	-2,12**	0,144*	0.500	-1976
<u>AN</u>	12	-1,27	0,151		
<u>TS</u>	12	-1,32*	0,186*	0.333	-1316
All	190	-35,95***	0,019*	0.787	-3110

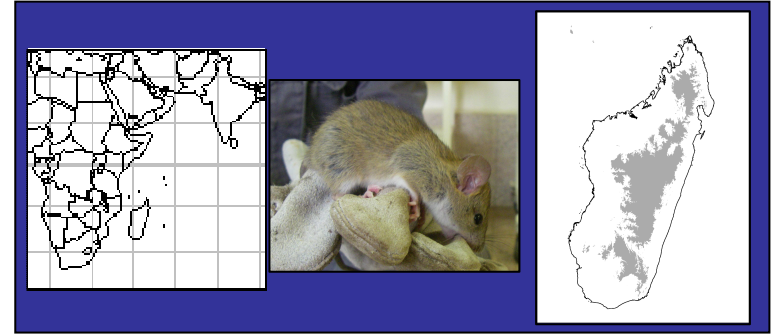
Analyses de Mismatch Distribution



Dates d'expansion démographiques plus anciennes sur la **côte Est** que sur les **hauts plateaux centraux**

→ La côte Est pourrait être la région d'introduction du rat noir à Madagascar

Conclusions



- Une unique introduction à Madagascar (99.5% des rats piégés) suivie d'une expansion démographique
 - + 1 individu indiquant que de nouvelles introductions sont possibles
- Les autres îles semblent avoir chacune une histoire distincte:
 - Grande Comore: composition génétique différente de Madagascar, mais cela n'exclut pas une introduction synchrone
 - Mayotte: composition génétique proche de Madagascar → introduction d'individus malgaches ?
 - Réunion: origine européenne très récente probable
- Des événements récents, en cohérence avec l'histoire humaine

➤ Perspectives (en cours)

utilisation de marqueurs nucléaires (microsatellites) sur un échantillonnage populationnel (Madagascar + Mayotte, Réunion et Grande Comore)

Merci à...

François Catzeflis and Annie Orth (Inde), Josef Bryja and Pavel Munclinger (Yemen), Paolo Colangelo and Laurent Granjon (Ethiopie), Hermann Thomas, Damien Fouillot, Jean-Pierre Quéré et Bernard Devaux (Réunion), Herwig Leirs (Tanzanie et Mozambique), Gwenaël Vourc'h, Amélie Desvars, Thomas Duval, Clément Prunel et Michel Pascal (Réunion et Mayotte), Terry Robinson and Gauthier Dobigny (Afrique du Sud), Gabriel Mouahid et Hélène Moné (Oman)

pour les échantillons d'un peu partout

Lila Rahalison, Soanandrasana Rahelinirina et l'équipe « peste » de l'Institut Pasteur de Madagascar

pour l'échantillonnage malgache

Marie Pagès, Yannick Chaval et Vincent Herbreteau

pour les séquences des autres espèces de Thaïlande

Sylvain Piry, Caroline Tatard, Michael Fontaine,
Fabien Condamine, Emmanuelle Jouselin...

pour leur aide en biologie moléculaire ou les analyses

