

Proposition de sujet de stage pour le Master Microbiologie - Ecologie, parcours Ecologie, Evolution, Biodiversité, Biométrie.

Sujet : Importance relative de facteurs bio-écologiques influençant la variabilité génétique des populations de campagnols des champs. Construction d'un simulateur multi-agents et analyses de sensibilité.

Lieu et Laboratoire d'accueil : Montpellier - CBGP – Centre de Biologie et de Gestion des Populations, CS30016, 34988 Montferrier sur Lez

Directeur : Denis Bourguet (dircbgp@ensam.inra.fr)

Responsable (s) de stage : Jean Le Fur . Jean-François Cosson

Tel : 04.99.62.33.02 / **Mail** :lefur@ird.fr

Equipe d'accueil : groupe rongeurs du CBGP

Résumé

Contexte : le polymorphisme génétique des populations est conditionné *in situ* par de multiples facteurs biologiques (effectifs, natalité, mortalité, dispersion...) et environnementaux (structures paysagères, répartition des habitats favorables, ...).

Dans le contexte de cette dynamique multi-variée, il est délicat de hiérarchiser les poids de ces différents facteurs dans les observations. Cela est d'autant plus complexe que ces facteurs s'expriment simultanément, et le plus souvent sur plusieurs échelles (*e.g.*, taux de mutation, comportements de dispersion, forçage environnemental). Face à ce problème, les modèles de simulation dits individus centrés peuvent apporter des éclairages utiles en permettant de représenter de façon souple des facteurs de différentes natures dans un même schéma de modélisation. Ils constituent de ce fait un formalisme adéquat pour représenter simultanément des dynamiques biologiques, paysagères, et les interactions entre les deux.

Problématique : ce sujet propose de clarifier les poids relatifs de quelques-uns des facteurs impliqués dans les structures génétiques des populations de rongeurs, en simulant un cas d'étude à partir d'un modèle individu-centré.

Le cas d'étude retenu est celui d'une population de campagnols des champs (*Microtus arvalis*) dans un paysage agricole intensif, constitué d'un patchwork de milieux pérennes ou perturbés par les cultures saisonnières (zone de 500 km² près de Chizé, Poitou-Charentes) pour laquelle nous avons déjà décrit la structure génétique (Gauffre et al 2008, 2009).

Cadrage du travail de modélisation : les populations seront représentées au niveau individuel par des objets 'campagnols' caractérisés par plusieurs traits de vie et dotés d'un génome simulé. La simulation au cours du temps des processus de reproduction et de dispersion dans un habitat fragmenté conduira à une dynamique des populations simulées. Les indicateurs classiques de la génétique des populations (ex : F-statistiques) pourront être calculés à partir des populations simulées.

Des analyses de sensibilité seront ensuite conduites en faisant varier plusieurs facteurs pour analyser le poids des composantes biologiques (organismes) et écologiques (habitats et hétérogénéité des paysages) dans les dynamiques observées. Les résultats obtenus seront confrontés aux données déjà publiées (Gauffre et al 2008, 2009) .

Le modèle sera développé en Java en utilisant la plate-forme multi-agent RepastS (<http://repast.sourceforge.net/>). Les développements déjà réalisés dans l'équipe (exploitation de données spatialisées, bibliothèques génétique) pourront être utilisés, des bibliothèques existantes pourront être recherchées et adaptées pour accélérer le travail de codage.

Le sujet suppose des compétences à la fois en sciences de la vie et en modélisation

Déroulement : les étapes du travail de recherche seront chevauchantes : 1/6 : littérature sur les flux de gènes, la génétique du paysage, la modélisation multi-agents, 3/6 : proposition et implémentation d'un modèle de population, 1/6 : analyse de sensibilité sur les sorties de simulation, 1/6 : rédaction.

Techniques : modélisation, programmation Java, analyses de sensibilité

Quelques références :

Sur la thématique :

- Berthier, K., Galan, M., Foltête, J.C., Charbonnel, N. and J.F. Cosson (2005) Genetic structure of the cyclic fossorial water vole (*Arvicola terrestris*): landscape and demographic influences. *Molecular Ecology*, 14(9) : 2861 - 2871
- Gauffre, B., Estoup, A., Bretagnolle, V., Cosson, J.F. (2008) Spatial genetic structure of a small rodent in a heterogeneous landscape. *Molecular Ecology*, 17, 4619–4629
- Gauffre B, E Petit, S Brodier, V Bretagnolle and JF Cosson (2009) Sex-biased dispersal patterns depend on the spatial scale in a small rodent. *Proceedings of the Royal Society of London serie B*, 276, 3487–3494.
- Vuilleumier, S. (2003) Dispersal modelling: integrating landscape features, behaviour and metapopulations. Thèse EPFL, no 2878 (2003). Dir.: André Musy.
- Vuilleumier, S. and P. Fontanillas (2007) Landscape structure affects dispersal in the greater white-toothed shrew: Inference between genetic and simulated ecological distances. *Ecol. Modelling*, 201(3-4) : 369-376
- Williams, B.L., Brawn, J.D., Paige, K.N. (2002) Landscape scale genetic effects of habitat fragmentation on a high gene flow species: *Speyeria idalia* (Nymphalidae). *Molecular Ecology*, 12(1) :11-20

En modélisation :

- Bach et al (2006) Kin competition and the evolution of dispersal in an individual-based model. *Ecological modelling*, 192, 658-666.
- Ferber J., 1999. Multi-agent systems - An introduction to distributed artificial intelligence. Addison-Wesley, Arlow, Great Britain, 509 p.
- Grimm, V., Railsback, S.F., 2005. Individual-based Modeling and Ecology. Princeton University Press, Princeton N.J
- Jepsen, J.U., Baveco, J.M., Topping, C.J., Verboom, J. and C.C. Vos (2005) Evaluating the effect of corridors and landscape heterogeneity on dispersal probability: a comparison of three spatially explicit modelling approaches. *Ecological Modelling*, 181(4): 445-459
- Kostova T & T.M. Carlsen (2005b) The effect of habitat size and predation on the time to extinction of prairie vole populations: simulation studies via SERDYCA, *Ecol. Complexity* 2/1 (2005) 35–57.