

Titre du stage:

Modélisation de la propagation de mutations au cours de l'expansion spatiale d'une population.

Laboratoire d'accueil:

URIH – INRA Sophia Antipolis et EPI COMORE, INRIA Sophia Antipolis.

Encadrants du stage:

Ludovic Mailleret (URIH, INRA Sophia), Frédéric Grogard (COMORE, INRIA Sophia), Thomas Guillemaud (BPI, IBSV, INRA Sophia).

ludovic.mailleret@sophia.inra.fr, frederic.grogard@inria.fr, thomas.guillemaud@sophia.inra.fr

Sujet du stage:

L'observation d'isolats spatiaux de faible diversité génétique dans les populations naturelles est souvent interprétée comme la résultante d'un phénomène de sélection naturelle favorisant le génotype le plus adapté localement. Un mécanisme évolutif distinct peut aussi expliquer ces patterns spatiaux ; il s'agit du phénomène de « gene surfing » qui est susceptible de se produire lors des phases d'expansion spatiale des populations (Edmonds *et al.* 2004, Excoffier & Ray, 2008). Une mutation, non nécessairement favorable, apparaissant sur le front de propagation peut bénéficier de la faible densité locale de la population pour éventuellement se fixer sur ce front par dérive génétique. Suivant le caractère délétère, neutre ou favorable de la mutation, la mutation peut respectivement suivre la vague de propagation de la population, occuper l'espace depuis son point d'apparition jusqu'au front de propagation ou se répandre de façon isotrope dans l'environnement (Travis *et al.* 2007). Ainsi les mutations neutres sont susceptibles d'établir, uniquement *via* le phénomène de gene surfing, des isolats spatiaux génétiquement homogènes.

Ce mécanisme évolutif a été étudié sous l'angle de la simulation informatique (*e.g.* Edmonds *et al.* 2004, Klopstein *et al.* 2005, Travis *et al.* 2007) et observé expérimentalement en microcosmes bactériens (Hallatschek *et al.* 2007). Les études théoriques analytiquement explicites sur ce sujet restent cependant rares (mais *cf.* Wei & Krone 2005, Hallatschek & Nelson 2008). Dans ce stage, nous proposons d'aborder ce problème de biologie évolutive en développant un modèle mathématique de métapopulation, et en l'analysant au moyen d'outils issus de la théorie des systèmes dynamiques. Dans un premier temps nous chercherons à reproduire les patterns spatio-temporels observés selon les différents types de mutation (neutre, délétère ou favorable). Il s'agira par la suite de considérer de potentiels compromis évolutifs entre différents traits des individus, comme par exemple leurs capacités reproductrices et de dispersion. Le cas échéant et suivant les desiderata du stagiaire, il sera possible de confronter les résultats théoriques obtenus à des modèles de simulation.

Références:

Edmonds, C.A., Lillie, A.S. and Cavalli-Sforza, L.L. 2004. « Mutations arising in the wave front of an expanding population ». *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*. 101:975-979.

Excoffier, L. and Ray, N. 2008. « Surfing during population expansions promotes genetic revolutions and structuration ». *Trends in Ecology and Evolution*. 23:347-351.

Hallatschek, O., Hersen, P., Ramanathan, S. and Nelson, D. R. 2007. « Genetic drift at expanding frontiers promotes gene segregation ». *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*. 104:19926 – 19930.

Hallatschek, O. and Nelson, D.R. 2008. « Gene surfing in expanding populations ». *Theoretical Population Biology*. 73:158-170.

Klopstein, S., Currat, M. and Excoffier, L. 2006. « The fate of mutations surfing on the wave of a range expansion ». *Molecular Biology and Evolution*. 23:482-490.

Travis, J.M.J., Münkemüller, T., Burton, O.J., Best, A., Dytham, C. and Johst, K. 2007. « Deleterious mutations can surf to high densities on the wave front of an expanding population ». *Molecular Biology and Evolution*. 24:2334-2343.

Wei, W. and Krone, S.M. 2005. « Spatial invasion by a mutant pathogen ». *Journal of Theoretical Biology*. 236:355-348.

Montant des indemnités de stage: montant INRA de référence.