

Sujet 1

Titre: Dynamique spatio-temporelle d'occupation des sites et des performances reproductrices dans une colonie de mouettes tridactyles.

Encadrant(s): Emmanuelle Cam et Jean-Yves Monnat

Equipe(s) d'accueil: UMR 5174 CNRS-UPS Evolution et Diversité Biologique, Université Paul Sabatier : Ecologie Evolutive.

Breve description du sujet (4-5 li). De nombreux travaux ont montré que la qualité de l'habitat de reproduction influence la performance reproductrice (une composante de la fitness) chez les espèces territoriales. Les tactiques individuelles de choix de l'habitat sont donc susceptibles d'être soumises à des pressions de sélection. Un certain nombre d'études se sont penchées sur les grands événements de dispersion massive et la désertion de colonies consécutifs l'intervention de prédateurs chez la mouette tridactyle

(*Rissa tridactyla*), mais on sait très peu de choses sur la dispersion récurrente (jusqu'à 30% des individus par an en mer d'Iroise) et la dynamique d'utilisation des colonies en dehors de ces périodes de crise. Ce projet a pour objectif premier de déterminer s'il est possible d'identifier des patterns de dynamique spatio-temporelle dans l'utilisation des sites de reproduction, et dans le succès de reproduction au sein des colonies. Ces patterns sont susceptibles de renseigner sur les tactiques individuelles de choix de l'habitat utilisées par les oiseaux. Temps permettant, ces tactiques pourront également être étudiées en utilisant une approche individuelle. Ce projet repose sur la modélisation statistique de données long terme portant sur le suivi de populations de mouettes tridactyles en mer d'Iroise (principalement statistiques spatiales et séries temporelles).

References (2-3 titres en rapport avec le sujet):

Cam, E, Monnat, J.Y. & Royle, J.A. 2004. Dispersal and individual quality in a long-lived species. *Oikos* 106: 386-398. Danchin, E. & Monnat, J.Y. 1992. Population dynamics modelling of two neighbouring kittiwake *Rissa tridactyla* colonies. *Ardea* 80: 171-180.

Sujet 2

Titre: Evolution des stratégies de reproduction des coccinelles prédatrices (Coléoptères, Coccinellidae)

Encadrant(s): J-L. Hemptinne & A. Magro

Equipe(s) d'accueil: UMR 5174 CNRS-UPS Evolution et Diversité Biologique, Université Paul Sabatier : Biologie des interactions

Brève description du sujet (4-5 li): On observe une grande convergence entre les stratégies de reproduction des insectes exploitant des ressources éphémères, strictement limitées dans le temps ou dans l'espace. Cette convergence, indépendante du régime alimentaire des insectes, se traduit par l'existence d'une étroite fenêtre temporelle pour pondre et par l'utilisation de divers systèmes de marquage d'une ressource utilisée (Nufio & Papaj, 2001). Les colonies de pucerons qu'utilise la coccinelle *Adalia bipunctata* n'ont qu'une durée de vie de l'ordre de 6 à 8 semaines. Conformément à la théorie, cet insecte ne dispose que d'une étroite opportunité de ponte au début de la phase de croissance des colonies de proies et marque les colonies déjà utilisées par une phéromone d'inhibition de la ponte (Hemptinne et al., 2001 & 2005). On ignore cependant si une telle stratégie de ponte est exceptionnelle ou largement répandue au sein de cette famille de prédateurs. L'objectif de la recherche consistera à apporter une réponse à cette question en étudiant des petites coccinelles méconnues de la sous-famille des Scymninae.

Références (2-3 titres en rapport avec le sujet):

Hemptinne, J-L., Lognay, G., Doumbia, M. & Dixon, A. F. G. 2001. Chemical nature and persistence of the oviposition deterring pheromone in the tracks of the larvae of the two-spot ladybird, *Adalia bipunctata* (Coleoptera, Coccinellidae). *Chemoecology*, 11, 43-47. Hemptinne, J-L., Magro, A. & Majerus, M. 2005. Les coccinelles. Delachaux & Niestlé, 189 p. Nufio, C. R. & Papaj, D. R. 2001. Host marking behavior in phytophagous insects and parasitoids. *Entomologia Experimentalis et Applicata*,

99, 273-293.

Sujet 3

Titre : Diversification morphologique et fonctionnelle des arbres néotropicaux

Encadrant(s) : Jérôme Chave, Christophe Andalo

Equipe(s) d'accueil: UMR 5174 CNRS-UPS Evolution et Diversité Biologique, Université Paul Sabatier : Diversité Spécifique et évolution morphologique

Brève description du sujet (4-5 li): Les forêts d'Amérique Centrale et du Sud sont occupées par plusieurs dizaines de milliers d'espèces d'arbres. Ces espèces se caractérisent par une grande variété morphologique et fonctionnelle. Alors que les études phylogénétiques ont longtemps utilisé ces caractères pour décider des délimitations taxonomiques, les progrès récents des méthodes moléculaires permettent de d'étudier directement la différenciation des traits morphologiques sur un vaste arbre phylogénétique. Le conservatisme de certains traits, ou au contraire leur variabilité, permettent de formuler des hypothèses quant au rôle évolutif de ces traits. Le présent sujet abordera ces questions pour un ensemble d'espèces d'arbres du Brésil. Il s'agira : (1) d'une étude bibliographique sur la méthode comparative, (2) de la mise en place d'une base de données sur la taille des graines, pour près de 700 espèces à l'aide d'outils de morphométrie, (3) enfin d'une analyse comparative de cette base de donnée utilisant des logiciels déjà développés.

Références (2-3 titres en rapport avec le sujet):

S. Levin, H. Muller-Landau, R. Nathan, and J. Chave. The ecology and evolution of dispersal: a theoretical perspective. *Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics*. 34, 575-604.

Sujet 4

Titre : Structure spatiale de la diversité des arbres en forêt tropicale guyanaise

Encadrant(s) : Jérôme Chave & Christophe Thébaud

Equipe(s) d'accueil: UMR 5174 CNRS-UPS Evolution et Diversité Biologique, Université Paul Sabatier : Diversité Spécifique et évolution morphologique

Brève description du sujet (4-5 li): La Guyane est couverte a 95% d'une forêt tropicale humide peu ou pas perturbée par l'homme, et plus d'un millier d'espèces d'arbres y a été recensées, mais la répartition spatiale de ces espèces reste mal connue. Le présent projet consistera à étudier les déterminants écologiques et évolutifs du maintien de la diversité dans les communautés d'arbres tropicaux. Ce travail passera par (1) une étude bibliographique sur les théories relatives au maintien de la biodiversité en forêt tropicale à l'échelle du paysage, (2) l'acquisition de concepts essentiels pour les statistiques spatiales, (3) une collaboration avec des chercheurs du laboratoire d'accueil et de l'ONF Guyane pour la mise en place d'une cartographie de plusieurs espèces dominantes du couvert arboré à partir d'un inventaire existant, comprenant plus de 14,000 arbres identifiés. Ce stage devra être complété par un séjour sur le terrain en Guyane. Le candidat devra exprimer un goût pour les concepts théoriques de l'écologie, et une volonté de contribuer à la botanique tropicale.

Références (2-3 titres en rapport avec le sujet):

J Chave. 2004. Neutral theory and community ecology. *Ecology Letters* 7, 241-253. R. Condit, N. Pitman, E.G. Leigh Jr., J. Chave, J. Terborgh, R.B. Foster, P. Nunez, S. Aguilar, R. Valencia, G. Villa, H. Muller-Landau, E. Losos, and S.P. Hubbell. 2002. Beta diversity in tropical forest trees. *Science* 295, 666-669

Sujet 5

Titre: Impact des parasites sur les espèces vulnérables : étude du modèle *Tracheliastes polycolpus* (Crustacé Lerneapodidae)- vandoise rostrée (Poisson Cyprinidae).

Encadrant(s): Géraldine Loot

Equipe(s) d'accueil: UMR CNRS-UPS Laboratoire Dynamique de la Biodiversité, Université Paul Sabatier : Equipe communautés benthique et pisciaire

Brève description du sujet (4-5 li): Le but de ce stage sera de tester l'effet de l'ectoparasite *Tracheliastes polycolpus* sur la dynamique des populations de vandoise rostrée du Viaur. En effet, ce parasite est fortement pathogène car il induit de sévères destructions des nageoires et pourrait ainsi augmenter le risque d'extinction de cette espèce vulnérable. Lors de ce stage nous analyserons l'effet du parasite sur le comportement de nage et la croissance du poisson.

Références (2-3 titres en rapport avec le sujet):

G. Loot, N. Poulet, Y. Reyjol, S. Blanchet and S. Lek (2004). The effects of the ectoparasite *Tracheliastes polycolpus* (Copepoda: Lerneapodidae) on the fins of rostrum dace (*Leuciscus leuciscus burdigalensis*). 94: 16-23 Parasitology Research. G. Loot, R. Poulin, S. Lek and J.-F. Guégan (2001). The differential effects of *Ligula intestinalis* (L.) plerocercoids on host growth in three natural populations of roach (*Rutilus rutilus* (L.)). 11: 168-177. Ecology of Freshwater Fish. Loot G, Aulagnier S, Lek S, Thomas F and Guégan J.F. (2002) Experimental demonstration of a parasite *Ligula intestinalis* (L.) induced behavioural modification in a cyprinid fish *Rutilus rutilus* (L.). 80 : 738-744. Canadian Journal of Zoology.

Sujet 6

Titre: Développement d'une approche de concordance des généalogies de gènes pour l'étude de la spéciation chez un champignon ectomycorrhizien

Encadrant(s): Patricia Jargeat & Monique Gardes

Equipe(s) d'accueil: UMR 5174 CNRS-UPS Evolution et Diversité Biologique, Université Paul Sabatier : Symbiose Mycorrhizienne et Evolution des Champignons

Brève description du sujet (4-5 li): *Tricholoma scalpturatum* est un champignon symbiotique qui forme des ectomycorrhizes avec les racines de nombreux arbres et arbustes des régions tempérées. Des études récentes suggèrent qu'il existe des espèces cryptiques au sein de cette espèce morphologique (F. Carriconde, mémoire de DEA, UPS, 2004). Cette information est importante parce qu'elle pourrait expliquer la diversité des niches écologiques chez ce champignon. L'objectif de ce projet est de confirmer l'existence de ces espèces cryptiques par la méthode de la concordance des généalogies de gènes (Taylor *et al.* 2000). La variation génétique sera examinée au sein d'une centaine d'isolats géographiquement différents. L'analyse des généalogies de plusieurs gènes fournira un support solide permettant de reconnaître des espèces cryptiques au sein de *Tricholoma scalpturatum sensu lato* et de confirmer l'absence de recombinaison entre les génotypes de ces espèces. Les résultats issus de cette étude apporteront un éclairage nouveau sur l'écologie de ce champignon et la biodiversité fongique.

Références (2-3 titres en rapport avec le sujet):

Taylor JW, Jacobson DJ, Kroken S, Kasuga T, Geiser DM, Hibbett DS, Fisher MC (2000) Phylogenetic species recognition and species concepts in fungi. *Fungal Genetics and Biology*, 31, 21-32.

Sujet 7

Titre: Les champignons ectomycorhiziens dans les taillis de chêne vert : diversité et réponse des communautés aux pratiques forestières

Encadrant(s): Hervé Gryta et Monique Gardes

Equipe(s) d'accueil: UMR 5174 CNRS-UPS Evolution et Diversité Biologique, Université Paul Sabatier : Symbiose Mycorrhizienne et Evolution des Champignons

Breve description du sujet (4-5 li) : Les forêts de chêne vert représentent les forêts du bassin méditerranéen par excellence. Ces écosystèmes forestiers, à l'image d'autres forêts sèches, hébergent des mycocoenoses diversifiées. Des relevés récents de sporophores et de mycorhizes réalisés au sein d'une vieille chênaie sur sol acide en Corse ont révélé (i) une communauté fructifiante ectomycorhizienne très riche ($S_m=166$ sur 6400 m^2 d'un transect permanent), (ii) la dominance de certains groupes (par ex. les russules et les cortinaires), (iii) l'existence de fortes corrélations entre les caractéristiques de la forêt (structure, composition) et les patrons de fructifications, (iv) une structuration de la diversité fongique liée à l'hôte (Richard et al. 2004, Richard et al. 2005). Dans le cadre de ce projet, nous proposons d'examiner la diversité ectomycorhizienne associée à des taillis de chêne vert sur sol calcaire, dans la forêt expérimentale de Puéchabon (34). Un millier environ de mycorhizes ont été prélevés sur des chênes adultes et des jeunes semences en mars 2001. Une coupe a ensuite été réalisée sur la moitié de la parcelle au cours de l'été 2001. Une deuxième campagne de prélèvement de mycorhizes a eu lieu en février 2002 dans la zone exploitée et la zone exploitée de la parcelle. Une quantification des taux d'ectomycorhization a été également effectuée avant et après coupe. Les questions suivantes seront abordées : Quel est le cortège fongique des chênes adultes issus de rejets de souches et celui des jeunes semences ? Quel est l'impact des pratiques forestières (coupe à blanc) sur la communauté fongique ? La communauté ectomycorhizienne du chêne vert varie-t-elle en fonction du substrat, calcaire ou acide ?

References (2-3 titres en rapport avec le sujet):

Sujet 8

Titre: Etude de l'interface entre les causses du Sud du Massif Central et la région méditerranéenne par l'intermédiaire des assemblées de fourmis

Encadrant(s) : Jérôme Orivel, & Jacques Delabie, Laboratorio de Mirmecologia, CEPEC, Ilhéus, Bahia, Brésil

Equipe(s) d'accueil: UMR 5174 CNRS-UPS Evolution et Diversité Biologique, Université Paul Sabatier : Biologie des interactions

Brève description du sujet (4-5 li): A partir d'une série d'échantillonnages dans certains points encore peu connus et des textes publiés sur les assemblées de fourmis du Centre-Sud de la France, nous proposons d'étudier la transition entre les myrmécofaunes des plateaux calcaires du Sud du Massif Central et celle du littoral méditerranéen. Cette transition sera comparée à celle de la végétation telle qu'elle est disponible dans la littérature (cf « zone de l'olivier »). Cette étude vise l'acquisition des méthodes d'échantillonnage et d'analyse pour l'étudiant sélectionné, lesquelles devraient être idéalement transposées au milieu tropical dans une étape postérieure pour étudier les écotones entre formations forestières et savanes.

Références (2-3 titres en rapport avec le sujet):

Agosti D., Majer J., Alonso L. (2000) *Ants : Standard Methods for Measuring and Monitoring Biodiversity.* (Biological Diversity Handbook Series), Smithsonian Inst., Washington. Bernard F. (1983) *Les fourmis et leur milieu en France méditerranéenne.* Encyclopédie entomologique, Lechevalier,

Paris. Passera L. (1967) Peuplement en fourmis terricoles du rebord méridional des causses jurassiques du Quercy : la lande calcaire à buis. Vie et milieu pp189-205. Passera L. (1977) Peuplement myrmécologique du cordon littoral du Languedoc-Roussillon; modifications anthropiques. Vie et milieu pp.249-265

Sujet 9

Titre: Structuration spatio-temporelle d'une population d'isards (*Rupicapra pyrenaica*)

Encadrant(s): Nicolas Morellet & Mark Hewison

Equipe(s) d'accueil: CEFS/INRA : Ecologie des populations

Brève description du sujet (4-5 li): Le sujet consiste à étudier les variations spatio-temporelles de mesures morphométriques d'isards (masse corporelle, taille des cornes,...) en fonction de l'âge et du sexe pour inférer les changements d'équilibre entre la population et son environnement (densité dépendance). L'analyse pourrait également viser à rechercher des unités de population en relation éventuelle avec l'habitat. Nous disposons d'un jeu de données sur l'Isard dans les hautes Pyrénées issu de la fédération départementale des chasseurs de ce département pour les animaux chassés depuis 1995.

Références (2-3 titres en rapport avec le sujet):

Bassano, B., Perrone, A. & Von Hardenberg, A. (2003). Body weight and horn development in Alpine chamois *Rupicapra rupicapra* (Bovidae, Caprinae). *Mammalia*, 67(1): 65-73. Loison, A., Gaillard, J-M. & Menaut, P. (1999). Subpopulation structure and dispersal in two populations of chamois. *Journal of mammalogy*, 80(2): 620-632. Fischer, A.J., Baker, M.S. & Wilson, C.A. (2004). Red snapper (*Lutjanus campechanus*) demographic structure in the northern Gulf of Mexico based on spatial patterns in growth rates and morphometrics. *Fishery bulletin*, 102(4): 593-603

Sujet 10

Titre: Etude du mode de reproduction chez deux espèces de Borraginacées proches : *Borago officinalis* L. (espèce commune) et *Borago pygmaea* (De Candolle) Chater et Greuter (espèce endémique corso-sarde).

Encadrant(s): Angélique QUILICHINI et Marc GIBERNAU

Equipe(s) d'accueil: UMR 5174 CNRS-UPS Evolution et Diversité Biologique, Université Paul Sabatier : Systèmes de reproduction

Brève description du sujet (4-5 li): La bourrache (*B. officinalis*) a été décrite comme espèce protandre et auto-incompatible (auto-incompatibilité post-zygotique, Crowe 1971) mais une étude récente a démontré que certaines populations du sud de l'Europe sont constituées d'individus auto-compatibles (Montaner et al., 2000). L'objectif de l'étude est de comparer le mode de reproduction de ces 2 espèces de *Borago* (celui de l'espèce endémique n'a pas encore été étudié), seules espèces du genre en France, chez des individus provenant de populations insulaires. Cette étude sera abordée dans le contexte de l'Ecologie de la Restauration.

Références (2-3 titres en rapport avec le sujet):

Crowe L. K. 1971. The polygenic control of outbreeding in *Borago officinalis*. *Heredity* 27: 111-118. Montaner C., E. Floris & J. M. Alvarez. 2000. Geitonogamy: a mechanism responsible for high selfing rates in borage (*Borago officinalis* L.). *Theor. Appl. Genet.* 102: 375-378.

Sujet 11

Titre: Mélange de populations et dérive génétique.

Encadrant(s): Chikhi Lounès et Martin O'Hely

Equipe(s) d'accueil: UMR 5174 CNRS-UPS Evolution et Diversité Biologique, Université Paul Sabatier : Structuration génétique des populations et évolution du génome

Brève description du sujet (4-5 li): La plupart des populations naturelles, animales ou végétales, évoluent au cours du temps sous la pression de nombreuses forces évolutives, telles que la sélection (sous de nombreuses formes), la dérive génétique et les événements de migrations. Lorsque ces événements de migrations sont plus ou moins discrets dans le temps (et non pas continus), on a tendance à parler d'événements d'hybridation, de mélanges de populations ou encore de métissage. Ces événements discrets sont intéressants car ils ont parfois lieu après que les populations ont acquis un certain niveau de différenciation. C'est le cas par exemple, de nombreuses populations sud-américaines qui sont le résultat de mélanges entre européens, africains et amérindiens.

Pour comprendre l'histoire de ces mélanges, il est nécessaire de développer des méthodes permettant d'estimer les paramètres de mélanges (quelles sont les contributions relatives de chaque population « parentale » ?). Pourtant, il est rare que l'on obtienne des échantillons juste après que le métissage a eu lieu. Il est donc nécessaire d'intégrer dans ces estimations la dérive génétique qui a eu lieu entre l'événement de métissage et l'échantillonnage, et qui fait que les fréquences alléliques des populations ont changé.

Nous avons développé une méthode permettant de tenir compte de cette dérive dans l'estimation de paramètres de mélange, dans le cadre de deux populations parentales et d'une population « hybride ». Cette méthodologie est actuellement étendue à plusieurs populations parentales, et permet également d'estimer le temps de séparation des populations parentales depuis un ancêtre commun.

Au cours de ce stage, l'étudiant se familiarisera avec la théorie de la génétique des populations, il participera aux tests de cette méthode à l'aide de données simulées. Il existe des logiciels permettant de simuler des données sous de nombreux scénarios démographiques.

Références (2-3 titres en rapport avec le sujet):

Chikhi, L., Bruford, M.W. and Beaumont, M.A. (2001) Estimation of admixture proportions: a likelihood-based approach using Markov chain Monte Carlo. *Genetics* 158, 1347–1362. Chikhi, L., Nichols, R.A., Barbujani, G. and Beaumont, M.A. (2002) Y genetic data support the Neolithic demic diffusion model. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 99, 10008–10013. Chikhi L, Bruford MW. (2005) Mammalian population genetics and genomics. In *Mammalian Genomics*, Eds. Ruvinsky A, Marshall Graves J. CABI Publishers, UK. Chapter 21: 539-584.

Sujet 12

Titre: Evolution moléculaire : exemple du gène de l'amélogénine sur les chromosomes sexuels des primates

Encadrant(s): Crouau-Roy Brigitte

Equipe(s) d'accueil: UMR 5174 CNRS-UPS Evolution et Diversité Biologique, Université Paul Sabatier : Structuration génétique des populations et évolution du génome

Brève description du sujet (4-5 li): Le gène de l'amélogénine (émail dentaire) est localisé sur les chromosomes sexuels chez les eutheriens (Sasaki and Shimokawa, 1995). Chez certaines espèces de primates, il existe une copie sur le chromosome X et une sur Y. Aucun échange entre les formes X et Y, que ce soit par crossing-over ou par conversion génique, n'a jusqu'à présent été démontré (Girondot and Sire, 1998). Par ailleurs, les travaux de Iwase et al (2003) suggèrent que AMEL aurait été localisé dans une région frontière avec la région pseudo-autosomale (et donc recombinante) du chromosome Y expliquant ainsi les différences d'évolution observées dans le gène.

Cette configuration génique est particulièrement intéressante pour étudier les contributions relatives des processus aléatoires (dérive génétique) et déterministes (sélection) au niveau moléculaire. En effet, les mutations faiblement délétères ont plus de chances de se fixer dans la population lorsque

l'effectif efficace est faible en raison de la dérive génétique qui devient plus importante que la sélection. Cela permet de prédire que ce type de mutations pourrait être plus fréquent sur le chromosome Y.

Le gène de l'amélogénine est composé de plusieurs introns et exons dont certains ont été séquencés sur différentes espèces : ils ont montré des différences de taille et de composition nucléotidique entre les copies des chromosomes X et Y. La stratégie proposée consiste à réaliser des PCRs spécifiques d'introns et d'exons particuliers en fonction de leur localisation sur l'un ou l'autre de ces chromosomes (intron 3 et exons 4 et 6). Il sera donc intéressant de déterminer dans quelle mesure ces séquences sont conservées entre les différents groupes de primates et de suivre la dégénérescence de ce gène sur le Y. Nous disposons d'ADN de mâles et de femelles de plusieurs espèces de primates séparées par plus de 40 millions d'années: singes du nouveau monde, de l'ancien monde et ainsi que de Lémuriens et de bovidés (out group). Nous chercherons également à apprécier s'il existe une différence sur la nature des mutations entre les mâles et les femelles (et pas uniquement le nombre). Les résultats obtenus au cours de ce stage, combinés avec ceux obtenus précédemment (sur exon 6) permettront d'aborder plusieurs domaines de l'évolution moléculaire et de mieux comprendre les phénomènes sélectifs et l'évolution des chromosomes sexuels.

Références (2-3 titres en rapport avec le sujet):

Balaresque P, Toupance B, Crouau-Roy B, Heyer E (2004) Sex-specific selection on the human X chromosome. *Genet Res Camb* 83: 169-176. Chikhi L, Bruford MW. (2005) Mammalian population genetics and genomics. In *Mammalian Genomics*, Eds. Ruvinsky A, Marshall Graves J. CABI Publishers, UK. Chapter 21: 539-584. Chikhi L, Bruford MW. (2004) Mammalian population genetics and genomics. In *Mammalian Genomics*, Eds. Ruvinsky A, Marshall Graves J. CABI Publishers, UK. Balaresque P, Manni F, Heyer E, Crouau-Roy B (2005) Discordant genetic differentiation between sex homologous markers: gender-specific migration rates and effective size. *Annals of Human Genetics* (sous presse). Bonhomme M, Blancher A, Crouau-Roy B (2005) *Am J of Primatology*

Sujet 13

Titre: Diversité moléculaire de populations humaines : analyse de données

Encadrant(s): Lounès Chikhi et Brigitte Crouau-Roy

Equipe(s) d'accueil: UMR 5174 CNRS-UPS Evolution et Diversité Biologique, Université Paul Sabatier : Structuration génétique des populations et évolution du génome

Brève description du sujet (4-5 li): La compréhension des phénomènes évolutifs récents (sélection, dérive génétique, migrations) dans l'histoire des populations requiert une description et une analyse des patrons de diversité génétique dans les populations ainsi qu'entre celles-ci. Nous possédons des bases de données comprenant les génotypes de populations humaines issues des continents africain (Côte d'Ivoire, Algérie et Maroc), européen (Sardaigne, Pays Basque) et américain (Bolivie, Argentine). Ces populations ont été génotypées pour plusieurs marqueurs situés sur les chromosomes sexuels ou autosomiques.

L'étudiant devra analyser ces données en utilisant des méthodes de statistique classiques ainsi que des approches issues de la génétique des populations afin de mesurer les niveau de diversité de ces populations, mettre en évidence des événements démographiques anciens (goulots d'étranglement, mélanges), estimer d'éventuels événements de migrations, détecter d'éventuelles pressions de sélection.

Il devra également chercher, dans les bases de données ou les références bibliographiques, des populations typées pour des marqueurs identiques afin d'accroître la base de données actuelle.

Il pourra éventuellement génotyper certaines populations pour d'autres marqueurs et utiliser des logiciels de simulation afin de tester des hypothèses émises au cours du processus de l'analyse de données.

Références (2-3 titres en rapport avec le sujet):

Chikhi, L., Destro-Bisol, G., Bertorelle, G., Pascali, V., Barbujani, G. (1998). Clines of nuclear DNA suggest a largely Neolithic ancestry of the European gene pool. *Proc. Natl. Acad. Sci, USA*, 95 : 9053-9058. Chikhi L, Bruford MW. (2004) Mammalian population genetics and genomics. In *Mammalian Genomics*, Eds. Ruvinsky A, Marshall Graves J. CABI Publishers, UK. Balaresque P, Toupance B, Crouau-Roy B, Heyer E (2004) Sex-specific selection on the human X chromosome. *Genet Res Camb*

83: 169-176. Balaesque P, Manni F, Heyer E, Crouau-Roy B (2004) Discordant genetic differentiation between sex homologous markers: gender-specific migration rates and effective size. *Annals of Human Genetics* (sous presse)

Sujet 14

Titre: Analyse de la structure génétique des populations de triton marbré (*Triturus marmoratus*)

Encadrant(s): Alexandre Ribéron, Lounes Chikhi, Brigitte Crouau-Roy

Equipe(s) d'accueil: UMR 5174 CNRS-UPS Evolution et Diversité Biologique, Université Paul Sabatier : Structuration génétique des populations et évolution du génome

Brève description du sujet (4-5 li) : En raison de la nature morcelée de l'habitat d'origine soit naturelle (zones humides, forêts,...) soit anthropique (routes, urbanisation, cultures,...), les populations sont fréquemment fragmentées ce qui rend les échanges (flux de gènes) difficiles. Il s'agit ici d'étudier la structuration et la diversité génétique des populations de triton marbré (*Triturus marmoratus*) confrontées à une hétérogénéité des milieux à l'échelle du paysage. Cette étude se base sur l'analyse de plusieurs marqueurs: ADN mitochondrial, microsatellites et AFLP.

Références (2-3 titres en rapport avec le sujet):

Andersen L.W., Fog K. & Damgaard C. 2004. Habitat fragmentation causes bottlenecks and inbreeding in the European tree frog (*Hyla arborea*). *Proc. R. Soc. Lond. B*, 271: 1293-1302. Ribéron A., Miaud C., Guyétant, R. & Taberlet, P. 2004. Genetic variation in an endemic salamander, *Salamadra atra*, using amplified fragment length polymorphism. *Mol. Phylogenet. Evol.* 31: 910-914. Palo J.U. et al. 2004. High degree of population subdivision in a widespread amphibian. *Mol. Ecol.* 13: 2631-2644.

Sujet 15

Titre: Changement global et selection

Encadrant(s): Jean Clobert

Equipe(s) d'accueil: UMR 5174 CNRS-UPS Evolution et Diversité Biologique, Université Paul Sabatier : Ecologie Evolutive

Brève description du sujet (4-5 li) Les changements globaux affectent toutes les populations animales. Les populations de lézards vivipares n'échappent pas à cette règle. En particulier, les dessins dorsaux (thermoregulation et predation) varient en fonction de l'altitude (et donc de la température) et pourraient être affectés par les changements climatiques. Des données collectées depuis deux ans, plus une étude à long terme devrait permettre de répondre à cette question.

Références (2-3 titres en rapport avec le sujet):

Sujet 16

Titre: Depression d'outbreeding chez le lézard vivipare

Encadrant(s): M. de Fraipont & J. Clobert

Equipe(s) d'accueil: UMR 5174 CNRS-UPS Evolution et Diversité Biologique, Université Paul Sabatier : Ecologie Evolutive

Brève description du sujet (4-5 li): Deux modes de reproduction existe chez le lézard vivipare: l'oviparité et l'ovoviviparité. Les populations ayant ces modes de reproduction ne sont plus en contact depuis maintenant qq millénaires. Ont-elles développer un isolement reproductif par comportement ou physiologie? Une expérience de croisement a été effectuée dont les résultats expérimentaux sur le

comportement, la physiologie et la génétique restent à effectuer.

Références (2-3 titres en rapport avec le sujet):

Sujet 17

Titre: Evolution de la coopération versus dispersion

Encadrant(s): Jean Clobert

Equipe(s) d'accueil: UMR 5174 CNRS-UPS Evolution et Diversité Biologique, Université Paul Sabatier : Ecologie Evolutive

Brève description du sujet (4-5 li): Un des comportements dont l'évolution est la plus discutée est le comportement de coopération (altruisme). Nous souhaitons développer des expériences sur les trade-off entre coopération et dispersion chez une espèce d'unicellulaire (*Tétrahymena thermophila*) où les deux comportements ont été montrés. Par une analyse de la variation clonale, des mélanges de clones et de la densité, nous voulons étudier sous quelles conditions la coopération est favorisée ou défavorisée.

Références (2-3 titres en rapport avec le sujet):

Sujet 18

Titre: Sources de variation des multiples signaux de quémandage chez les oiseaux

Encadrant(s): Philipp Heeb

Equipe(s) d'accueil: UMR 5174 CNRS-UPS Evolution et Diversité Biologique, Université Paul Sabatier : Ecologie Evolutive

Brève description du sujet (4-5 li): La sélection naturelle a favorisé l'évolution des mécanismes permettant des échanges d'information entre les parents et leurs jeunes. Chez les oiseaux des signaux multiples (vision UV-VIS, cris, comportements etc..) semblent participer à la communication entre parents-jeunes. Les biologistes s'intéressent à la façon comment ces signaux peuvent être stables et qu'aucune "tricherie" ne s'installe entre participants. Un mécanisme proposé est que les signaux seraient coûteux à produire et seulement les jeunes en bonne condition pourraient les produire à haute intensité. Par ailleurs des études récentes montrent que des facteurs environnementaux peuvent jouer un rôle central dans l'évolution des signaux produits par les jeunes. Lors d'une expérience les besoins à court terme de jeunes étourneaux sansonnets ont été manipulés et nous avons enregistré la nature et l'intensité des différents signaux produits. Cette étude aura comme but d'examiner les facteurs qui déterminent l'expression des signaux de quémandage chez les étourneaux sansonnets.

Références (2-3 titres en rapport avec le sujet):

Heeb P., Schwander T., Faoro S. & (2003) Nestling detectability affects parental feeding preferences in a cavity nesting bird. *Animal Behaviour*. 66: 637-642. Jourdie, V., Moureau, B., Bennett, A.T.D., P. Heeb (2004) Ultraviolet reflectance by the skin of nestlings. *Nature*. 431: 262. Kilner R, Johnstone RA (1997) Begging the question: Are offspring solicitation behaviours signals of needs. *Trends in Ecology and Evolution* 12: 11-15.

Sujet 19

Titre: Variation morphologique et polymorphisme de la coloration du plumage

Encadrant(s): Philipp Heeb & Christophe Thébaud

Equipe(s) d'accueil: UMR 5174 CNRS-UPS Evolution et Diversité Biologique, Université Paul Sabatier : Ecologie Evolutive & Diversité Spécifique et évolution morphologique

Brève description du sujet (4-5 li): *Zosterops borbonica* est un passereau endémique de la Réunion. Bien que vivant uniquement sur cette île, cet oiseau présente une grande variabilité dans la coloration de son plumage. Les raisons biologiques qui maintiennent ce polymorphisme ne sont pas encore connues. Il y a environ 40 ans, Gill (1973) a échantillonné un grand nombre de ces oiseaux sur lesquels il a effectué des analyses morphométriques qui ont révélé une structuration géographique de différents morphes sur l'île de la Réunion. Dans le cadre d'une étude à long-terme sur cette oiseau, nous souhaitons réaliser de nouvelles analyses qui utiliseraient les techniques modernes en biométrie afin de quantifier de façon objective les différences morphes et leur relations avec des facteurs écologiques associés à l'habitat. Ce travail consistera principalement en l'utilisation d'analyses statistiques multivariées et de modèles d'évolution des caractères quantitatifs. Il permettra à l'étudiant de se familiariser avec les questions ayant trait à la spéciation sympatrique et à l'évolution du polymorphisme de la coloration du plumage chez les oiseaux.

Références (2-3 titres en rapport avec le sujet):

Andersson, M., (1994) *Sexual selection*. Princeton University Press, Princeton, New Jersey. Diamond, A.W (1987) *Studies of Mascarene Island Birds*. Cambridge University Press. Gill, F., (1973) Intra-island variation in the Mascarene white-eye *Zosterops borbonica*. *Ornithological monographs*, 12. Roulin, A (2004) The evolution, maintenance and adaptive function of genetic colour polymorphism in birds. *Biological reviews* 79, 815-848.

Sujet 20

Titre: Génétique de la spéciation chez les plantes à fleurs

Encadrant(s): Monique Burrus, Christophe Andalo, & Christophe Thébaud

Equipe(s) d'accueil: UMR 5174 CNRS-UPS Evolution et Diversité Biologique, Université Paul Sabatier : Diversité Spécifique et Evolution Morphologique

Brève description du sujet (4-5 li): Mieux comprendre les causes de la formation des espèces demeure l'un des enjeux fondamentaux de la biologie évolutive. Nous proposons ici d'étudier les mécanismes de la différenciation écologique entre espèces apparentées du genre *Antirrhinum* (Scrophulariaceae). En particulier, il s'agira de compléter un jeu de données sur la diversité génétique d'un ensemble de populations échantillonnées dans les Pyrénées et de tester des hypothèses relatives au rôle des différentes pressions évolutives dans la structuration de la diversité pour différents marqueurs (microsatellites, gènes candidats, etc).

Références (2-3 titres en rapport avec le sujet):

Coyne, J.A. and H.A. Orr. (2004). *Speciation*. Sinauer Associates, Sunderland, MA. Nicolas B. Langlade*, Xianzhong Feng†, Tracy Dransfield†‡, Lucy Copsey*, Andrew I. Hanna§, Christophe Thébaud¶, Andrew Bangham§, Andrew Hudson†, and Enrico Coen* 2005. Evolution through genetically controlled allometry space. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* (sous presse). Comes, H.P. & Abbott, R.J. (2001) Molecular phylogeography, reticulate evolution, and lineage sorting in Mediterranean *Senecio* sect. *Senecio* (Asteraceae). – *Evolution*, 55 (10), 1943-1962